



## Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE

Podręcznik użytkownika  
Wersja 2.3

REF	12014330
	12014334
	12014335
	12014348
	12014349
	12016659
	12016687

Wersja instrukcji: Maj 2022  
Wersja oprogramowania: 2.3



# **Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security**

**Podręcznik użytkownika**

**Wersja 2.3**



## **Pomoc techniczna firmy Bio-Rad™**

Dział pomocy technicznej firmy Bio-Rad w Stanach Zjednoczonych jest otwarty w dniach od poniedziałku do piątku w godzinach od 5:00 do 17:00 czasu pacyficznego.

**Numer telefonu:** 1-800-424-6723, opcja 2

**E-mail:** Support@bio-rad.com (tylko dla Stanów Zjednoczonych/Kanady)

W celu uzyskania pomocy technicznej klienci spoza Stanów Zjednoczonych i Kanady powinni skontaktować się z lokalnym biurem wsparcia technicznego lub kliknąć link Contact us (Kontakt z nami) na stronie [bio-rad.com](https://www.bio-rad.com).

## **Informacja prawna**

Żadna część tej publikacji nie może być powielana ani przekazywana w żadnej postaci ani z wykorzystaniem żadnych środków, czy to elektronicznych czy mechanicznych, włączając fotokopie, nagrania i wszelkie systemy przechowywania lub wyszukiwania informacji, bez pisemnej zgody firmy Bio-Rad Laboratories, Inc..

Firma Bio-Rad zastrzega sobie prawo do modyfikowania swoich produktów i usług w dowolnym czasie. Niniejsza instrukcja może być zmieniona bez powiadomienia. Choć podczas opracowywania niniejszego dokumentu starano się zachować dokładność, firma Bio-Rad nie przyjmuje odpowiedzialności za błędy czy pominięcia ani za żadne szkody wynikające z zastosowania czy wykorzystania tych informacji.

BIO-RAD jest znakiem towarowym firmy Bio-Rad Laboratories, Inc.

SYBR to znak towarowy firmy Thermo Fisher Scientific Inc.

EvaGreen to znak towarowy firmy Biotium, Inc.

Wszystkie użyte w tym dokumencie znaki towarowe są własnością ich odpowiednich właścicieli.

Prawa autorskie ©2022 należą do Bio-Rad Laboratories, Inc.. Wszelkie prawa zastrzeżone.

## Przeznaczenie

Aparat System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym™ z produktem Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security™ jest przeznaczony do wykonywania fluorescencyjnego PCR w celu wykrywania i ilościowego oznaczania sekwencji kwasów nukleinowych. System i oprogramowanie są przeznaczone do stosowania w diagnostyce in vitro przez przeszkolonych techników laboratoryjnych. Te systemy są przeznaczone do stosowania z diagnostycznymi testami kwasów nukleinowych opracowanymi przez inne firmy, wyprodukowanymi i oznakowanymi dla celów diagnostycznych.

## Leksykon symboli

 Producent	 Numer partii
 Do użycia przez	 Do zastosowań w diagnostyce in vitro
 Limit temperatury	 Numer katalogowy
 Zapoznaj się z instrukcją użytkownika	 Liczba testów
 Do użycia z	 Numer seryjny

<b>Rx Only</b> Tylko na receptę	 Zawiera lateks
<b>CE</b> Oznaczenie CE - Rozporządzenie (UE) 2017/746 IVDR	

## Tłumaczenia

Dokumenty produktów mogą być dostarczane w dodatkowych językach na nośnikach elektronicznych.

## Historia zmian

Dokument	Data	Opis zmiany
Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security Podręcznik użytkownika, 2.0 (Nr ID dokumentu 10000135637)	Grudzień 2020	Wersja A, wydanie wstępne
Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security Podręcznik użytkownika, 2.3 (Nr ID dokumentu 10000135637)	Maj 2022	<ul style="list-style-type: none"><li>■ Zaktualizowana o obsługę systemów CFX Opus Deepwell Dx</li><li>■ Zaktualizowana Tabela leksykonu symboli</li><li>■ Dodano notatkę o cyberbezpieczeństwie we wstępie</li></ul>



# Spis treści

Przeznaczenie .....	iii
Leksykon symboli .....	iii
Tłumaczenia .....	iv
Historia zmian .....	v
<b>Bezpieczeństwo i zgodność z przepisami .....</b>	<b>17</b>
Etykiety ostrzegawcze .....	17
Bezpieczeństwo i zgodność z przepisami .....	20
Zgodność z bezpieczeństwem .....	20
Zgodność elektromagnetyczna (EMC) .....	21
Ostrzeżenia i uwagi EMC .....	22
Wymagania dotyczące warunków otoczenia .....	23
Zagrożenia .....	24
Zagrożenia biologiczne .....	24
Zagrożenia chemiczne .....	26
Zagrożenia związane z wybuchem lub możliwością zapłonu .....	26
Zagrożenia elektryczne .....	27
Transport .....	27
Akumulator .....	27
Utylizacja .....	27
Gwarancja .....	28
<b>Rozdział 1 Wprowadzenie .....</b>	<b>29</b>
Cechy główne produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....	31
Więcej informacji .....	31
<b>Rozdział 2 Instalowanie produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....</b>	<b>33</b>
Wymagania systemowe .....	34
Instalacja oprogramowania CFX Maestro Dx SE .....	36
Wykrywanie podłączonych urządzeń .....	38
Pliki w oprogramowaniu .....	39



<b>Rozdział 3 Zarządzanie kontami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security</b> .....	41
Uruchamianie produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....	42
Dodawanie użytkowników Microsoft Windows do Komputera z produktem Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....	44
Dodawanie i usuwanie użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security	46
Zarządzanie rolami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....	48
Wyświetlanie swojej roli i uprawnień .....	49
<b>Rozdział 4 Korzystanie z produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security</b>	51
Zabezpieczone pliki .....	51
<b>Rozdział 5 Przestrzeń robocza</b> .....	61
Okno Home (Strona główna) .....	62
Kreator Startup Wizard (Kreator startowy) .....	63
Okno Protocol Editor (Edytor protokołu) .....	64
Okno Plate Editor (Edytor płytki) .....	65
Okno Data Analysis (Analiza danych) .....	66
<b>Rozdział 6 Okno Home (Strona główna)</b> .....	67
Okno Home (Strona główna) .....	68
Polecenia menu File (Plik) .....	69
Polecenia menu View (Widok) .....	69
Polecenia menu User (Użytkownik) .....	70
Polecenia menu Run (Analiza próbek) .....	71
Polecenia menu Tools (Narzędzia) .....	71
Polecenia menu Help (Pomoc) .....	72
Polecenia na pasku narzędzi .....	73
Kreator Startup Wizard (Kreator startowy) .....	74
Pasek stanu .....	74
Panel Detected Instruments (Wykryte aparaty) .....	75
Przeglądanie właściwości aparatu .....	78
Czynności do wykonania przed rozpoczęciem korzystania z produktu .....	80
Tworzenie Master Mix-u do reakcji .....	80
Kalibrowanie nowych barwników .....	83
Ustawianie preferencji użytkownika .....	86

<b>Rozdział 7 Tworzenie protokołów</b> .....	105
Parametry i zakresy kroków protokołu .....	106
Okno Protocol Editor (Edytor protokołu) .....	108
Polecenia menu File (Plik) .....	109
Polecenie menu Settings (Ustawienia) .....	109
Polecenia menu Tools (Narzędzia) .....	109
Polecenia na pasku narzędzi .....	109
Elementy kontroli nad edycją protokołu .....	110
Tworzenie protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) .....	114
Otwieranie nowego pliku protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) .....	114
Otwieranie istniejącego protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) .....	116
Konfigurowanie nowego protokołu .....	117
Dodawanie etapów do protokołu .....	119
Wprowadzanie etapu gradientu .....	120
Wstawianie kroku GOTO .....	121
Wstawianie etapu krzywej topnienia .....	122
Dodawanie lub usuwanie etapu odczytu płytki .....	124
Zmiana opcji etapu .....	124
Usuwanie etapu .....	125
Kopiowanie, eksportowanie i drukowanie protokołu .....	125
Tworzenie protokołu za pomocą Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) .....	126
Korzystanie z funkcji Ta Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu Ta) .....	128
Informacje o funkcji Ta Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu Ta) .....	128
<b>Rozdział 8 Przygotowywanie płytek</b> .....	135
Okno Plate Editor (Edytor płytki) .....	136
Polecenia menu File (Plik) .....	136
Polecenia menu Edit (Edycja) .....	137
Polecenia menu Settings (Ustawienia) .....	137
Polecenia menu Editing Tools (Narzędzia do edycji) .....	138
Polecenia na pasku narzędzi .....	138
Tworzenie pliku płytki za pomocą edytora Plate Editor (Edytor płytki) .....	140
Otwieranie nowego pliku płytki w oknie Plate Editor (Edytor płytki) .....	140
Otwieranie istniejącego pliku płytki w oknie Plate Editor (Edytor płytki) .....	142
Konfigurowanie nowego pliku płytki .....	143

Przypisywanie parametrów opcjonalnych do pliku płytki .....	151
Przypisywanie docelowego genu do studzienek .....	151
Przypisywanie nazwy próbki do studzienek .....	154
Przypisywanie grup biologicznych do studzienek .....	155
Przypisywanie numerów replikatów technicznych do studzienek .....	158
Przypisywanie serii rozcieńczeń do typów próbek Standard (Wzorzec) .....	159
Kopiowanie zawartości studzienki do innej studzienki .....	161
Dodawanie uwagi do studzienki .....	161
Usuwanie całej zawartości ze studzienek .....	162
Zmiana ustawień eksperymentu .....	163
Tworzenie grup studzienek .....	166
Zmiana stylów krzywej .....	168
Wyświetlanie, eksportowanie i importowanie płytki w formacie arkusza kalkulacyjnego .....	170
Tworzenie układu płytki za pomocą kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) dla płytki .....	172
Korzystanie z kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) dla płytki .....	172
<b>Rozdział 9 Uruchamianie eksperymentów .....</b>	<b>175</b>
Okno Run Setup (Konfiguracja analizy) .....	176
Przechodzenie do okna Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) .....	177
Zakładka Protocol (Protokół) .....	178
Zakładka Plate (Płytki) .....	181
Zakładka Start Run (Uruchom analizę próbek) .....	184
Uruchamianie eksperymentu .....	185
Okno dialogowe Run Details (Szczegóły analizy próbek) .....	187
Zakładka Run Status (Stan analizy próbek) .....	187
Zakładka Real-time Status (Stan w czasie rzeczywistym) .....	190
Zakładka Time Status (Stan czasu) .....	193
Wykonywanie eksperymentów PrimePCR .....	194
Przenoszenie danych z trybu autonomicznego na potrzeby analizy .....	196
Przenoszenie danych przez pocztę e-mail .....	196
Przesyłanie danych z aparatu System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym .....	196
Przesyłanie danych przez Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....	199
Przenoszenie danych za pomocą dysku USB .....	199
Przesyłanie danych przez współdzielony dysk sieciowy przy użyciu produktu System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym .....	200

Tworzenie pliku danych .....	200
<b>Rozdział 10 Przegląd informacji o analizie danych .....</b>	<b>203</b>
Okno Data Analysis (Analiza danych) .....	203
Pasek narzędzi Data Analysis (Analiza danych) .....	204
Pasek menu Data Analysis (Analiza danych) .....	205
Szczegóły zakładek .....	210
Selektor numeru etapu .....	210
Przeglądanie grup studzienek w oknie Data Analysis (Analiza danych) .....	211
Zmiana zawartości studzienek po analizie próbek .....	211
Ustawienia analizy danych .....	213
Dostosowywanie proggu .....	213
Ustawienia wartości bazowej .....	213
Analysis mode (Tryb analizy) .....	214
Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania) .....	215
Well Selector (Selektor studzienek) .....	216
Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w selektorze studzienek .....	217
Tymczasowe wykluczanie studzienek z analizy .....	218
Wykresy .....	219
Narzędzia przeznaczone dla wykresu .....	219
Powiększanie obszaru na wykresie .....	227
Kopiowanie wykresów do pliku w formacie Microsoft .....	227
Wspólne pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresach .....	227
Arkusze kalkulacyjne .....	229
Wspólne pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w arkuszach kalkulacyjnych .....	229
Eksport .....	231
Eksportowanie wszystkich arkuszy danych .....	231
Eksportowanie plików RDML .....	232
Tworzenie niestandardowego eksportowanego pliku .....	233
Eksportowanie do folderu LIMS .....	235
Eksportowanie danych w formacie Seegene .....	235
<b>Rozdział 11 Szczegóły okna Data Analysis (Analiza danych) .....</b>	<b>237</b>
Zakładka Quantification (Oznaczenie ilościowe) .....	238
Opcje fluoroforu .....	238

Okno dialogowe Trace Styles (Style krzywej) .....	239
Opcja Log Scale (Skala logarytmiczna) .....	240
Wykres krzywej wzorcowej .....	241
Opcje menu wykresu Amplification (Amplifikacja) .....	242
Arkusze kalkulacyjny w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) .....	242
Zakładka Quantification Data (Dane oznaczenia ilościowego) .....	244
Arkusze kalkulacyjny Results (Wyniki) .....	244
Arkusze kalkulacyjny Standard Curve Results (Wyniki krzywej wzorcowej) .....	246
Arkusze kalkulacyjny Plate (Płytki) .....	247
Arkusze kalkulacyjny RFU .....	248
Zakładka Melt Curve (Krzywa topnienia) .....	249
Dostosowywanie danych krzywej topnienia .....	251
Zakładka Melt Curve Data (Dane krzywej topnienia) .....	252
Arkusze kalkulacyjny Melt Peaks (Piki topnienia) .....	252
Arkusze kalkulacyjny Plate (Płytki) .....	253
Arkusze kalkulacyjny RFU .....	254
Arkusze kalkulacyjny -d(RFU)/dT .....	255
Zakładka End Point (Punkt końcowy) .....	256
Dane dotyczące wyników .....	257
Dostosowanie analizy danych punktu końcowego .....	259
Arkusze kalkulacyjny RFU na potrzeby analizy punktu końcowego .....	259
Zakładka Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna) .....	260
Dostosowywanie danych na potrzeby dyskryminacji allelicznej .....	261
Opcje menu Chart (Wykres) .....	262
Arkusze kalkulacyjny Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna) .....	262
Zakładka Custom Data View (Niestandardowy widok danych) .....	264
Tworzenie niestandardowego widoku danych .....	265
Zakładka QC (Kontrola jakości) .....	266
Zmiana kryteriów QC (kontroli jakości) .....	267
Wykluczanie studzienek, które nie przeszły kontroli jakości .....	267
Zakładka Run Information (Informacje o analizie próbek) .....	268
Raporty z analizy danych .....	269
Kategorie raportu z analizy danych .....	270
Tworzenie raportu z analizy danych .....	274

Tworzenie raportów dotyczących grupy studzienek .....	276
<b>Rozdział 12 Analiza ekspresji genu .....</b>	<b>277</b>
Konfiguracja płytki na potrzeby analizy ekspresji genu .....	277
Konfigurowanie płytki według instrukcji .....	278
Wykresy Gene Expression (Ekspresja genu) .....	279
Graphing (Wykresy) .....	281
Wprowadzanie zmian do widoku wykresu i dodawanie adnotacji do tego widoku .....	283
Dostosowywanie danych dotyczących ekspresji genu .....	289
Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) .....	291
Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy .....	293
Arkusz kalkulacyjny z danymi .....	294
Opcja Show Details (Pokaż szczegóły) .....	296
Clustergram .....	299
Settings (Ustawienia) .....	299
Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy .....	299
Arkusz kalkulacyjny z danymi .....	300
Wykres rozrzutu .....	301
Settings (Ustawienia) .....	301
Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy .....	301
Arkusz kalkulacyjny z danymi .....	302
Arkusz kalkulacyjny Results (Wyniki) .....	303
Badanie genów .....	304
Kalibracja między analizami próbek .....	304
Okno dialogowe Gene Study (badanie genów) .....	305
Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania) .....	305
Przygotowanie badania genów .....	306
Zakładka Study Analysis (Analiza badania) .....	307
Kategorie raportów Gene Study (Badanie genów) .....	308
Tworzenie raportu z badania genów .....	311
<b>Załącznik A Obliczenia w analizie danych .....</b>	<b>313</b>
Wydajność reakcji .....	313
Relative Quantity (Ilość względna) .....	313
Ilość względna przy wybranej kontroli .....	314
Odchylenie standardowe ilości względnej .....	314

Wartość C <sub>q</sub> skorygowana względem wydajności (C <sub>qE</sub> ) .....	315
C <sub>q</sub> po korekcie uwzględniającej wydajność średnią (MC <sub>qE</sub> ) .....	315
Znormalizowana ekspresja .....	316
Ekspresja i ilość względna na potrzeby grup biologicznych .....	317
Znormalizowana wartość ekspresji po wybraniu kontroli .....	317
Odchylenie standardowe dla znormalizowanej wartości ekspresji .....	318
Znormalizowana wartość ekspresji przeskalowana do najwyższego poziomu ekspresji .....	319
Znormalizowana wartość ekspresji przeskalowana do najniższego poziomu ekspresji .....	319
Znormalizowana wartość ekspresji przeskalowana do średniego poziomu ekspresji .....	319
Odchylenie standardowe dla przeskalowanej znormalizowanej wartości ekspresji .....	321
Słupki błędów dla odchylenia standardowego (I <sub>g</sub> ) i błędu standardowego średniej (I <sub>g</sub> ) .....	322
Krotność zmiany ekspresji .....	323
Wzory na wartości skorygowane .....	324
Obliczenia przedziału ufności na potrzeby analizy grup biologicznych .....	325
Obliczenia dla wykresu pudełkowego z wąsami .....	325
<b>Załącznik B Ścieżki audytu</b> .....	<b>329</b>
Wyświetlanie ścieżek audytu .....	329
Zdarzenia podlegające audytowi .....	331
<b>Załącznik C Integracja z systemem LIMS</b> .....	<b>335</b>
Tworzenie plików danych kompatybilnych z LIMS .....	335
Ustawianie folderu LIMS i opcji eksportu danych .....	335
Tworzenie protokołu LIMS .....	337
Tworzenie pliku systemu LIMS .....	337
Uruchamianie analizy LIMS .....	342
Eksportowanie danych do systemu LIMS .....	343
<b>Załącznik D Rozwiązywanie problemów z produktem Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security</b> .....	<b>345</b>
Umieszczanie plików i folderów produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security na białej liście .....	345
Dziennik aplikacji .....	346
Pobieranie plików dziennika aplikacji i oprogramowania układowego .....	347
Rozwiązywanie problemów .....	347
Awaria zasilania .....	347
Przesyłanie plików do komputera CFX Maestro Dx SE .....	348

Ręczna instalacja produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security .....	348
Przeinstalowywanie sterowników .....	349
<b>Załącznik E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products .....</b>	<b>351</b>
Software Notices .....	352
ZedGraph .....	352
Standard Open License Text .....	352
LGPL-2.1 .....	352
<b>Załącznik F Piśmiennictwo .....</b>	<b>365</b>



## Spis treści

## Bezpieczeństwo i zgodność z przepisami

Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx do analizy PCR w czasie rzeczywistym (nazywane w tym podręczniku jako System CFX Opus Dx) nagrzewa się i ochładza bardzo szybko podczas pracy. Aby zapewnić bezpieczne działanie systemu PCR w czasie rzeczywistym, Bio-Rad stanowczo zaleca przestrzeganie specyfikacji bezpieczeństwa wymienionych w tej sekcji oraz w całej instrukcji.

### Etykiety ostrzegawcze

Etykiety ostrzegawcze umieszczone na System CFX Opus Dx w niniejszej instrukcji ostrzegają przed źródłami urazów lub szkód. [Tabela 1](#) zawiera zdefiniowane wszystkie etykiety ostrzegawcze.

**Tabela 1. Ostrzeżenia ogólne dotyczące bezpieczeństwa**








Ikona	Znaczenie
	<p>Obsługiwanie systemu System CFX Opus Dx przed przeczytaniem niniejszej instrukcji może grozić obrażeniami ciała. Używanie tego aparatu w sposób nieokreślony w niniejszej instrukcji lub przez firmę Bio-Rad może spowodować osłabienie lub dezaktywację funkcji ochronnych aparatu.</p>
 	<p>Sam System CFX Opus Dx nie stwarza zagrożeń biologicznych ani radioaktywnych. Zagrożenia te stają się problemem tylko wtedy, gdy zostaną wprowadzone do systemu za pośrednictwem testowanych próbek. Podczas obsługi próbek radioaktywnych lub stwarzających zagrożenie biologiczne należy przestrzegać zalecanych środków ostrożności i wytycznych obowiązujących w danym laboratorium lub ośrodku. Wytyczne te powinny obejmować metody czyszczenia, monitorowania i usuwania używanych materiałów niebezpiecznych.</p>
	<p>Ponadto, jak określono powyżej, istnieje niewielkie ryzyko wybuchu albo wydostania się cieczy lub oparów z pojemników na próbkę. Podczas pracy z materiałami niebezpiecznymi ryzyko obrażeń ciała spowodowanych przez wydostający się materiał jest potęgowane przez ryzyko, że sam materiał niebezpieczny może zostać rozproszony wewnątrz i wokół urządzenia. Użytkownicy powinni podjąć odpowiednie środki ostrożności na wypadek wystąpienia takiej sytuacji.</p>
	<p>System CFX Opus Dx działajądziała w temperaturach wystarczająco wysokich, aby spowodować poważne oparzenia. Przed otwarciem pokrywy i wyjęciem próbek zawsze odczekać do czasu, gdy blok próbek powróci do temperatury pokojowej. Nawet po ochłodzeniu bloku próbek otoczenie oraz płyta grzejna mogą pozostać gorące przez dłuższy czas. W sytuacjach, gdy nie ma wystarczającej ilości czasu na ostygnięcie urządzenia, zaleca się stosowanie sprzętu ochronnego, takiego jak rękawice termiczne czy „kuchenne”.</p>
	<p>Bezpieczeństwo i wydajność każdego systemu zawierającego System CFX Opus Dx jest obowiązkiem osoby montującej system.</p>

Tabela 1. Ostrzeżenia ogólne dotyczące bezpieczeństwa, ciąg dalszy

Ikona	Znaczenie
	<p>Podczas normalnej pracy System CFX Opus Dx może nagrzać się do takiej temperatury, że może spowodować wrzenie lub odparowywanie cieczy w próbkach, zwiększając ciśnienie w pojemnikach na próbki. Istnieje możliwość, że pojemniki na próbki mogą ulec uszkodzeniu; prowadząc do wycieków, rozprysku płynu lub wybuchowego pęknięcia oraz wyrzucania oparów lub cieczy wewnątrz i wokół urządzenia.</p> <p>Użytkownicy powinni zawsze obsługiwać urządzenie z zamkniętą pokrywą lub nosić okulary ochronne, rękawice termiczne i inny sprzęt ochrony osobistej, aby uniknąć obrażeń. Otwarcie urządzenia, gdy próbki są jeszcze gorące, na przykład po przerwaniu analizy, może spowodować wyciek lub rozpylenie cieczy z pojemników pod ciśnieniem. Zawsze odczekaj na ostygnięcie próbek przed otwarciem pokrywy.</p> <p>Użytkownicy nie powinni nigdy uruchamiać reakcji z pokrywą lub uszczelką, która jest otwarta, luźna, przebita lub w inny sposób uszkodzona, ponieważ zwiększa to prawdopodobieństwo niebezpiecznego pęknięcia lub wybuchu.</p> <p>Użytkownicy nigdy nie powinni uruchamiać reakcji z odczynnikami lotnymi, które mogłyby zwiększyć prawdopodobieństwo niebezpiecznego pęknięcia lub wybuchu.</p>

## Bezpieczeństwo i zgodność z przepisami

### Zgodność z bezpieczeństwem

System CFX Opus Dx został przetestowany i stwierdzono zgodność z odpowiednimi wymogami następujących norm bezpieczeństwa i zgodności elektromagnetycznej:

- IEC 61010-1:2010 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych, część 1: Wymagania ogólne
- IEC 61010-2-010:2019 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-010: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do nagrzewania materiałów
- IEC 61010-2-081:2019 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-081: Wymagania szczegółowe dotyczące automatycznych i półautomatycznych urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do analiz i innych zastosowań
- IEC 61010-2-101:2018 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-101: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń medycznych do diagnozy in vitro (IVD)
  
- CAN/CSA-C22.2 nr. 61010-1-12:2018 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych, część 1: Wymagania ogólne
- CAN/CSA-C22.2 nr. 61010-2-010:19 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych, część 2-010: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do nagrzewania materiałów
- CAN/CSA-C22.2 nr. 61010-2-081:19 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych, część 2-081: Wymagania szczegółowe dotyczące automatycznych i półautomatycznych urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do analiz i innych zastosowań
- CSA-C22.2 nr. 61010-2-101:19 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych, część 2-101: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń medycznych do diagnozy in vitro (IVD)
  
- EN 61010-1:2010 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 1: Wymagania ogólne

- EN 61010-2-010:2014 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-010: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do nagrzewania materiałów
- EN 61010-2-081:2015 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-081: Wymagania szczegółowe dotyczące automatycznych i półautomatycznych urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do analiz i innych zastosowań
- EN 61010-2-101:2017 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-101: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń medycznych do diagnostyki in vitro (IVD)
  
- EN 61010-1:2012 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 1: Wymagania ogólne
- EN 61010-2-010:2019 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-010: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do nagrzewania materiałów
- EN 61010-2-081:2019 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-081: Wymagania szczegółowe dotyczące automatycznych i półautomatycznych urządzeń laboratoryjnych przeznaczonych do analiz i innych zastosowań
- UL 61010-2-101:19 Wymagania bezpieczeństwa dotyczące elektrycznych przyrządów pomiarowych, automatyki i urządzeń laboratoryjnych — część 2-101: Wymagania szczegółowe dotyczące urządzeń medycznych do diagnostyki in vitro (IVD)

## Zgodność elektromagnetyczna (EMC)

System CFX Opus Dx został przetestowany i stwierdzono zgodność z odpowiednimi wymogami następujących norm zgodności elektromagnetycznej:

- IEC 61326-1:2012 Elektryczne przyrządy pomiarowe, sterujące i laboratoryjne — wymagania EMC — część 1: Wymagania ogólne. Przetestowane jako urządzenie klasy A.
- IEC 61326-2-6:2012 Elektryczne przyrządy pomiarowe, sterujące i laboratoryjne — wymagania EMC — część 2-6: Wymagania szczegółowe — urządzenia medyczne do diagnostyki in vitro (IVD)

- EN 61326-1:2013 Elektryczne przyrządy pomiarowe, sterujące i laboratoryjne — wymagania EMC — część 1: Wymagania ogólne. Przetestowane jako urządzenie klasy A.
- EN 61326-2-6:2013 Elektryczne przyrządy pomiarowe, sterujące i laboratoryjne — wymagania EMC — część 2-6: Wymagania szczegółowe — urządzenia medyczne do diagnozy in vitro (IVD)
- FCC część 15, podczęść B, sekcje 15.107 i 15.109. Przetestowane jako urządzenie cyfrowe klasy A.
- CAN ICES-003v6: 2019 Standard dotyczący sprzętu powodującego zakłócenia, sprzętu IT (w tym aparatury cyfrowej) — limity i metody pomiarowe. Przetestowano pod kątem ograniczeń klasy A.

## Ostrzeżenia i uwagi EMC

- **Ostrzeżenie:** Zmiany lub modyfikacje opisywanego urządzenia, które nie zostały jawnie zatwierdzone przez firmę Bio-Rad, mogą spowodować unieważnienie upoważnienia użytkownika do obsługi tego sprzętu.
- **Uwaga:** Niniejsze urządzenie zostało przetestowane i odpowiada normom urządzenia cyfrowego klasy A, zgodnie z częścią 15 przepisów FCC. Te ograniczenia mają na celu zapewnienie odpowiedniej ochrony przed szkodliwymi zakłóceniami, gdy sprzęt będzie użytkowany w budynkach przeznaczonych do celów komercyjnych. Niniejsze urządzenie wytwarza, wykorzystuje i może emitować energię o częstotliwości radiowej oraz, jeśli nie zostanie zainstalowane poprawnie lub będzie użytkowane niezgodnie z instrukcją obsługi, może powodować zakłócenia w łączności radiowej. Eksploatacja tego sprzętu w budynkach mieszkalnych prawdopodobnie będzie powodować szkodliwe zakłócenia, a w takim przypadku użytkownik będzie musiał wyeliminować te zakłócenia na własny wydatek.
- **Uwaga dotycząca zgodności z wymogami komisji FC:** Opisywane urządzenie zostało przetestowane i jest zgodne z normami dla urządzenia cyfrowego klasy A, zgodnie z częścią 15 przepisów FCC, podczęść B, jednak należy zauważyć, że ta zgodność jest dobrowolna, ponieważ urządzenie podlega zwolnieniu zgodnie z przepisami 47 CFR 15.103(c) w odniesieniu do cytowanych przepisów komisji FCC, które obowiązywały w czasie produkcji urządzenia.
- **Uwaga dotycząca kabli:** To urządzenie przetestowano pod kątem zgodności elektromagnetycznej przy użyciu specjalnie zaprojektowanych kabli USB, które są dostarczane wraz z urządzeniem. Te kable lub autoryzowane przez Bio-Rad zamienniki, muszą być używane z tym urządzeniem, aby zapewnić ciągłą zgodność z limitami emisji elektromagnetycznej.

## Wymagania dotyczące warunków otoczenia

Urządzenie System CFX Opus Dx zaprojektowano pod kątem bezpiecznej eksploatacji w warunkach środowiskowych wymienionych w poniżej tabeli.

**Tabela 2. Wymagania dotyczące warunków otoczenia System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym**

Parametr	Specyfikacja
Środowisko pracy	Wyłącznie do użytku wewnętrznego
Wysokość robocza n.p.m.	Do 2000 m n.p.m.
Temperatura otoczenia w pomieszczeniu	15–31°C*
Warunki transportu i przechowywania	–20° do 60°C** –4 do 140°F
Wilgotność względna	20% do 80% (bez kondensacji)***
Moc robocza	100 do 240 VAC ±10%, 50/60 Hz, 850 W maks.
Wahania napięcia sieciowego	±10%
Maksymalne zużycie energii	< 850 W
Bezpieczniki	10 A, 250 V, 5 x 20 mm, bezpiecznik bezzwłoczny (sztuk: 2)
Klasa ochrony przeciwprzepięciowej	II
Klasa ochrony przed zanieczyszczeniami	2

\*Eksploatacja urządzenia poza tym zakresem temperatur może nie spełniać specyfikacji wydajności. Temperatura pokojowa pomiędzy 5-40°C jest uważana za bezpieczną.

\*\*Instrument należy przechowywać i transportować w opakowaniu transportowym, aby spełnić te warunki temperaturowe.

\*\*\*Praca aparatu w temperaturze 4°C powinna być ograniczona do 18 godzin w tych warunkach. Przechowywanie w temperaturze 4°C może trwać do 72 godzin, jeśli wilgotność jest mniejsza niż 60% (bez kondensacji).



## Zagrożenia

System CFX Opus Dx jest zaprojektowany do bezpiecznego działania, gdy jest używany w sposób zalecany przez producenta. Jeśli system lub którykolwiek z powiązanych z nim komponentów jest używany w sposób inny niż określony przez producenta, może to negatywnie wpłynąć na ochronę zapewnianą przez system. Firma Bio-Rad nie ponosi odpowiedzialności za jakiegokolwiek obrażenia ciała ani szkody spowodowane użytkowaniem tego sprzętu w jakiegokolwiek nieokreślony sposób ani za modyfikacje urządzenia, których nie dokonała firma Bio-Rad lub autoryzowany jej agent. Serwis System CFX Opus Dx może wykonywać jedynie przeszkolony personel Bio-Rad.

### Zagrożenia biologiczne

System CFX Opus Dx jest produktem laboratoryjnym. Jeśli jednak pojawią się próbki stanowiące zagrożenie biologiczne, należy przestrzegać poniższych wytycznych i postępować zgodnie z wszelkimi lokalnymi procedurami obowiązującymi w danym laboratorium lub ośrodku.

**Uwaga:** Podczas normalnej pracy tego urządzenia nie są wykorzystywane żadne substancje stwarzające zagrożenie biologiczne.

### Ogólne środki ostrożności

- Przed rozpoczęciem pracy z systemem należy zawsze zakładać fartuch laboratoryjny, rękawice laboratoryjne oraz okulary ochronne z osłonami bocznymi albo gogle.
- Ręce należy trzymać z dala od ust, nosa i oczu.
- Przed przystąpieniem do pracy z potencjalnie zakaźnymi materiałami należy w pełni zabezpieczyć wszelkie skaleczenia lub obtarcia.
- Po zakończeniu pracy z potencjalnie zakaźnym materiałem należy dokładnie umyć ręce wodą z mydłem przed opuszczeniem laboratorium.
- Przed rozpoczęciem pracy na stanowisku należy zdjąć zegarki i biżuterię.
- Wszystkie zakaźne lub potencjalnie zakaźne materiały należy przechowywać w odpornych na pęknięcia, szczelnych pojemnikach.
- Przed opuszczeniem laboratorium należy zdjąć odzież ochronną.
- W rękawiczkach nie należy pisać, odbierać telefonu, dotykać włączników światła ani dotykać czegokolwiek, czego mogłyby dotknąć inne osoby bez rękawiczek.
- Należy często zmieniać rękawiczki. Rękawiczki należy natychmiast zmienić w przypadku stwierdzenia ich widocznego zanieczyszczenia.

- Materiałów, których nie można odpowiednio odkazić, nie wolno wystawiać na działanie substancji potencjalnie zakaźnych.
- Po zakończeniu czynności obejmujących materiały stwarzające zagrożenie biologiczne należy odkazić obszar roboczy odpowiednim środkiem odkażającym (np. roztworem wybielacza do użytku domowego w rozcieńczeniu 1:10).

## Odkazanie powierzchni



**OSTRZEŻENIE!** Aby uniknąć porażenia prądem elektrycznym, zawsze wyłączać i odłączać aparat przed wykonywaniem procedur odkazania.

Poniższe obszary mogą być czyszczone dowolnym bakterio-, wiruso- lub grzybobójczym środkiem dezynfekcyjnym przeznaczonym do stosowania w szpitalach:

- zewnętrzna pokrywa i obudowa,
- wewnętrzna powierzchnia bloku próbek i studzienki bloku próbek
- panel sterowania i wyświetlacz.

Aby przygotować i nanieść środek dezynfekcyjny, przeczytać instrukcję dostarczoną przez producenta produktu. Po zastosowaniu środka dezynfekcyjnego zawsze kilkakrotnie przemyć wodą blok próbek i studzienki bloku próbek. Po przemyciu wodą dokładnie wysuszyć blok próbek i studzienki bloku próbek.

**Ważne:** Nie stosować środków o właściwościach ściernych, żrących detergentów ani roztworów o mocnym odczynie zasadowym. Takie środki mogą zarysować powierzchnie i uszkodzić blok próbek, skutkując utratą precyzyjnej kontroli temperatur.

## Utylizacja materiału stwarzającego zagrożenie biologiczne

Następujące potencjalnie skażone materiały należy utylizować zgodnie z lokalnymi, regionalnymi i krajowymi przepisami dotyczącymi laboratoriów:

- próbki kliniczne,
- odczynniki,
- zużyte naczynia reakcyjne oraz inne materiały eksploatacyjne, które mogły ulec skażeniu.

## Zagrożenia chemiczne

System CFX Opus Dx nie zawiera żadnych potencjalnie niebezpiecznych materiałów chemicznych.

## Zagrożenia związane z wybuchem lub możliwością zapłonu

System CFX Opus Dx nie stanowi dla operatorów żadnego niestandardowego zagrożenia w zakresie możliwości zapłonu lub wybuchu, pod warunkiem że jest eksploatowany w sposób odpowiedni określony przez firmę Bio-Rad Laboratories.

## Zagrożenia elektryczne

System CFX Opus Dx nie stanowi dla operatorów żadnego niestandardowego zagrożenia elektrycznego, pod warunkiem że zostanie prawidłowo zainstalowany i będzie poprawnie obsługiwany, co oznacza, że nie można wprowadzać do systemu fizycznych modyfikacji. Ponadto system musi być podłączony do źródła zasilania o odpowiednich parametrach.

## Transport

Przed przeniesieniem lub wysyłką System CFX Opus Dx, należy przeprowadzić procedury odkażania. Zawsze przemieszczaj lub wysyłaj system w osobnych pojemnikach wraz z dostarczonymi przez firmę Bio-Rad opakowaniami, które zabezpieczają sprzęt przed uszkodzeniem.

Aby uzyskać informacje na temat transportu systemu i poprosić o odpowiednie opakowania, skontaktuj się z lokalnym biurem firmy Bio-Rad.

## Akumulator

System CFX Opus Dx wykorzystuje jeden monetowy akumulator litowo-metalowy o mocy 3 V w celu utrzymywania ustawień czasu w przypadku utraty zasilania sieciowego. Jeśli po wyłączeniu urządzenia czas nie będzie zachowany, może to oznaczać, że zmniejszył się poziom naładowania baterii.



**OSTRZEŻENIE!** Nie należy podejmować prób wymiany baterii. Nie nadają się one do serwisowania przez użytkownika. Zamiast tego skontaktuj się z działem wsparcia technicznego firmy Bio-Rad w celu uzyskania pomocy.

### Dotyczy wyłącznie Stanu Kalifornia w Stanach Zjednoczonych

- Nadchlorany — baterie litowe zawierają nadchlorany; mogą one wymagać specjalnej obsługi. Patrz [www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate](http://www.dtsc.ca.gov/hazardouswaste/perchlorate).

## Utylizacja

System CFX Opus Dx zawiera materiały elektryczne, które nie powinny być wyrzucane jako odpady niesortowane i muszą być zbierane osobno zgodnie z dyrektywą Unii Europejskiej 2012/19/UE w sprawie zużytego sprzętu elektrycznego i elektronicznego (dyrektywa WEEE). Przed wyrzuceniem skontaktować się z lokalnym przedstawicielem firmy Bio-Rad w celu uzyskania instrukcji odpowiednich w danym kraju.

## Gwarancja

System CFX Opus Dx i jego powiązane akcesoria podlegają standardowej gwarancji Bio-Rad. Szczegóły gwarancji można uzyskać, kontaktując się z lokalnym biurem firmy Bio-Rad.

## Rozdział 1 Wprowadzenie

Wysokowydajne systemy amplifikacji PCR firmy Bio-Rad zostały wyposażone w najnowocześniejsze rozwiązania technologiczne zapewniające większą dokładność i powtarzalność amplifikacji kwasów nukleinowych w badaniach genomowych.

Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security firmy Bio-Rad jest kompatybilne z poniższymi aparatami i zawiera pliki analiz zoptymalizowane dla primera PrimePCR firmy Bio-Rad oraz dla testów z użyciem sond:

- CFX System Opus 96 Dx Real-Time PCR (zwany w tym podręczniku CFX Opus 96 Dx)
- CFX System Opus 384 Dx Real-Time PCR (zwany w tym podręczniku CFX Opus 384 Dx)
- CFX System Opus Deepwell Dx Real-Time PCR (zwany w tym podręczniku CFX Opus Deepwell Dx)

Za pomocą produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security (w niniejszym podręczniku określanego jako CFX Maestro Dx SE) można interpretować złożone dane oraz przeprowadzać zaawansowane analizy genetyczne. Wystarczy tylko kilka kliknięć, aby skonfigurować badania i zrozumieć wyniki badań ekspresji genów dzięki narzędziom, takim jak testy t, jednoczynnikowa analiza ANOVA, analizy kontroli PrimePCR oraz selektor genów referencyjnych. Następnie wyniki można przygotować w celu publikacji i prezentacji, korzystając z wysoce modyfikowalnych narzędzi oprogramowania CFX Maestro Dx SE do wizualizacji i adnotacji.

**Uwaga:** Niektóre ekrany w CFX Maestro mogą wyglądać inaczej niż te przedstawione w tym podręczniku użytkownika. Wyświetlanie w oprogramowaniu jest prawidłowe, a funkcjonalność taka sama.

**Ważne:** Cyberbezpieczeństwo to ochrona aktywów w cyberprzestrzeni przed cyberatakami. Cyberbezpieczeństwo to zdolność firmy Bio-Rad do zabezpieczenia swoich ludzi, informacji, systemów i reputacji w cyberprzestrzeni. Cyberprzestrzeń to zawsze włączony, technologicznie połączony świat; składa się z ludzi, organizacji, informacji i technologii.

Szybkie reagowanie jest ważne w przypadku problemów z cyberbezpieczeństwem! Jeśli podejrzewasz, że w Twoim urządzeniu może występować problem związany z cyberbezpieczeństwem lub że cyberbezpieczeństwo zostało naruszone w Twoim zakładzie, natychmiast skontaktuj się z przedstawicielem firmy Bio-Rad w celu uzyskania pomocy technicznej.

## Cechy główne produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

Za pomocą oprogramowania CFX Maestro Dx SE można wykonywać następujące czynności:

- Analizować dane za pomocą wykresów słupkowych, clustergramów, wykresów rozrzutu w celu szybkiej interpretacji i zrozumienia wyników.
- Dostosowywać reprezentację danych i eksportować wysokiej rozdzielczości wykresy celem ich publikacji i generowania raportów.
- Określać jakość RNA i rozwiązywać problemy z eksperymentami, korzystając z kontroli analizy PrimePCR.
- Wybierać odpowiednie geny referencyjne i analizować ich stabilność, korzystając z narzędzia Reference Gene Selection Tool (Narzędzie wyboru genu referencyjnego).
- Wykonywać analizy statystyczne obejmujące jednoczynnikową analizę ANOVA w ramach analizy ekspresji genów.

W niniejszym podręczniku użytkownika omówiono te funkcje oraz sposób ich użycia.

## Więcej informacji

Po zainstalowaniu CFX Maestro Dx SE i skonfigurowaniu powiązanego urządzenia do analizy PCR Bio-Rad możesz uzyskać dostęp do tej instrukcji oraz do szczegółowych tematów pomocy CFX Maestro Dx SE z poziomu menu Help (Pomoc) w każdym oknie.

**Wskazówka:** Kliknąć logo Bio-Rad w prawym górnym rogu dowolnego okna oprogramowania CFX Maestro Dx SE, aby przejść na stronę internetową firmy Bio-Rad. Na tej stronie zamieszczono odnośniki do uwag technicznych, instrukcji obsługi, filmów, informacji o produktach oraz zasobów wsparcia technicznego. Znajdują się tam także liczne zasoby techniczne dotyczące różnorodnych metod i zastosowań powiązanych z PCR, PCR w czasie rzeczywistym i ekspresją genu.





## Rozdział 2 Instalowanie produktu

# Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

W tym rozdziale objaśniono sposób instalowania produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security. Informacje o konfigurowaniu aparatów do PCR w czasie rzeczywistym obsługiwanych przez Bio-Rad można znaleźć w odpowiedniej instrukcji.

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE jest wymagane do analizowania danych PCR w czasie rzeczywistym z systemów CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx Real-Time PCR. Można też wykorzystać to oprogramowanie do kontrolowania tych systemów w trybie sterowanym przez program.

Systemy CFX Opus Dx są dostarczane z kablem USB w torbie z akcesoriami. Użyć kabla USB, aby podłączyć komputer z uruchomionym CFX Maestro Dx SE do System CFX Opus Dx.

Usunąć materiały opakowaniowe i zachować je na przyszłość. Jeśli brakuje jakiegokolwiek elementu lub jeśli jakikolwiek element jest uszkodzony, skontaktować się z lokalnym biurem firmy Bio-Rad.

## Wymagania systemowe

Tabela 3 przedstawia minimalne i zalecane wymagania systemowe dla komputera, na którym uruchomione jest oprogramowanie CFX Maestro Dx SE.

**Tabela 3. Wymagania dotyczące komputera, na którym działa oprogramowanie CFX Maestro Dx SE**

System	Minimum	Zalecane
System operacyjny	Microsoft Windows 10 (tylko 64-bitowy), kompilacja 1511 lub nowsza, z najnowszymi aktualizacjami zabezpieczeń	Microsoft Windows 10 (tylko 64-bitowy), kompilacja 1511 lub nowsza, z najnowszymi aktualizacjami zabezpieczeń
<p><b>Uwaga:</b> Windows 11 obsługuje również Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security.</p> <p><b>Ważne:</b> Bezpieczny rozruch musi być wyłączony na komputerach z uruchomionym CFX Maestro Dx SE. Komputery z uruchomionym CFX Maestro Dx SE powinny być skonfigurowane w taki sposób, aby nie uruchamiały się ponownie automatycznie po aktualizacji systemu lub zabezpieczeń, jeśli trwa analiza. Skontaktuj się z administratorem systemu, aby uzyskać pomoc.</p>		
Porty	2 szybkie porty USB 2.0	2 szybkie porty USB 2.0
Ilość miejsca na dysku	128 GB	128 GB
Szybkość procesora	2,4 GHz, dwurdzeniowy	2,4 GHz, czterordzeniowy
Pamięć RAM	4 GB pamięci RAM	8 GB pamięci RAM
Rozdzielczość ekranu	1024 x 768 z trybem True Color	1280 x 1024 z trybem True Color
Program do odczytu plików PDF		Adobe PDF Reader lub Windows PDF Reader z jednego z obsługiwanych pakietów Microsoft Office: <ul style="list-style-type: none"> <li>■ 2016</li> <li>■ 2019</li> </ul>
Wersja językowa	Obsługiwane są wersje systemu Microsoft Windows 64-bitowe w języku angielskim, chińskim i rosyjskim	Obsługiwane są wersje systemu Microsoft Windows 64-bitowe w języku angielskim, chińskim i rosyjskim

**Uwaga:** Jeśli planowane jest korzystanie z oprogramowania CFX Automation Control na tym samym komputerze, na którym działa oprogramowanie CFX Maestro Dx SE, wówczas rozdzielczość ekranu należy ustawić na 1280 x 1024 z trybem True Color.

## Instalacja oprogramowania CFX Maestro Dx SE

**Ważne:** Przed instalacją lub aktualizacją oprogramowania konieczne odłączyć od komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE wszelkie podłączone aparaty. Nie trzeba wyłączać aparatu podczas instalacji oprogramowania. Upewnić się, że wszystkie analizy próbek są zapisane i że nie są uruchomione żadne eksperymenty.

**Uwaga:** Przed rozpoczęciem procedury instalacji należy sprawdzić, czy włączona jest opcja Secure Boot (Bezpieczny rozruch). Należy upewnić się, że komputer jest skonfigurowany w taki sposób, aby nie uruchamiał się ponownie automatycznie po aktualizacji systemu lub zabezpieczeń, jeśli trwa analiza. Skontaktuj się z administratorem systemu, aby uzyskać pomoc.

### Aby zainstalować oprogramowanie CFX Maestro Dx SE

1. W razie konieczności odłączyć od komputera wszelkie podłączone aparaty.  
Zlokalizować i odłączyć kabel USB aparatu od komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE. Końcówka wprowadzona do System CFX Opus Dx może pozostać w gnieździe.
2. Zalogować się do komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE z uprawnieniami administratora.
3. Włożyć pamięć USB z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE do gniazda USB w komputerze.
4. W Eksploratorze Windows przejść do pamięci USB oprogramowania CFX Maestro Dx SE i otworzyć ją.

W pamięci USB zapisano informacje o wersji oraz foldery:

- CFX
- Drivers (Sterowniki),
- Firmware (Oprogramowanie układowe),
- Quick Start (Krótki przewodnik).

W folderze CFX oprócz innych plików znajduje się instalator programu CFX Maestro Dx SE (CFXMaestroDxSetup.exe).

5. Otworzyć folder CFX i dwukrotnie kliknąć CFXMaestroDxSetup.exe, aby uruchomić instalator oprogramowania.
6. Postępować zgodnie z instrukcjami wyświetlanymi na ekranie.  
Po zakończeniu, na pulpicie komputera pojawi się ikona Bio-Rad Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security.

**Wskazówka:** Instalator CFX Maestro automatycznie instaluje podręcznik użytkownika Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security. Aby znaleźć te podręczniki, przejdź do menu Help (Pomoc) i wybierz opcję Open User Guides (Otwórz podręczniki użytkownika).

7. Po zakończeniu instalacji można bezpiecznie wysunąć pamięć USB z oprogramowaniem.

## Wykrywanie podłączonych urządzeń

Podczas instalacji instalator CFX Maestro Dx SE automatycznie instaluje sterowniki aparatu na komputerze CFX Maestro Dx SE. CFX Maestro Dx SE wykrywa podłączone aparaty po uruchomieniu oprogramowania.

### Wykrywanie podłączonych aparatów

1. Jeśli ta czynność nie została jeszcze wykonana, należy wprowadzić kwadratowy (męski) koniec kabla USB typu B z zestawu do portu USB typu B, który znajduje się na tylnej ścianie podstawy aparatu.
2. Drugi koniec kabla (port) wprowadź do portu USB na komputerze CFX Maestro Dx SE.
3. Jeśli aparat nie jest jeszcze uruchomiony, naciśnij przelącznik zasilania na aparacie, aby go uruchomić.
4. Uruchomić oprogramowanie CFX Maestro Dx SE.

Oprogramowanie automatycznie wykryje podłączony aparat i wyświetli jego nazwę w panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) w oknie Home (Strona główna).

**Uwaga:** Jeśli aparat nie jest widoczny w panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty), sprawdź, czy kabel USB jest poprawnie podłączony. Aby ponownie zainstalować sterowniki, w oknie Home (Strona główna) oprogramowania CFX Maestro Dx SE należy wybrać opcje Tools (Narzędzia) > Reinstall Instrument Drivers (Przeinstaluj sterowniki aparatu).

## Pliki w oprogramowaniu

W sekcji [Tabela 4](#) wyszczególniono typy plików, z jakich korzysta CFX Maestro Dx SE.

**Tabela 4. Typy plików, z jakich korzysta CFX Maestro Dx SE**

Typ pliku	Rozszerzenie	Szczegóły
Protokół	.prcl	Zawiera szczegóły konfiguracji protokołu potrzebne do wykonania analizy PCR
Płytki	.pltd	Zawiera szczegóły konfiguracji płytki potrzebne do wykonania analizy PCR
Dane	.pcrd	Zawiera wyniki eksperymentu i analizy PCR
Analiza PrimePCR	.csv	Zawiera protokół i układ płytki na potrzeby płytek PrimePCR
Badanie genów	.mgxd	Zawiera wyniki wielu analiz PCR oraz analiz ekspresji genu
Niezależne pliki z danymi wstępnymi	.zpcr	Zawiera odczyty fluorescencji z niezależnego działania systemu, które są przekształcane w plik danych
LIMS	.plrn	Zawiera konfigurację płytki i informacje o protokole wymagane do przeprowadzenia analizy próbek kompatybilnej z systemem LIMS
JSON	.json	Plik tylko do odczytu generowany wyłącznie przez systemy CFX Opus Dx. Ten plik zawiera dane pliku analizy, które pojawiają się w okienku szczegółów w przeglądarce plików po wybraniu pliku analizy. Ten plik jest generowany po zakończeniu analizy. Jest eksportowany wraz z plikiem .zpcr i zapisywany z plikami danych, gdy lokalizacją zapisu jest dysk USB lub współdzielony folder sieciowy.





## Rozdział 3 Zarządzanie kontami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

W produkcie Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security, użytkownicy logują się za pomocą swojej nazwy użytkownika i hasła Windows. Osoba, która zainstalowała CFX Maestro Dx SE ma automatycznie przypisaną rolę Administratora i może tworzyć konta i role użytkowników oraz nimi zarządzać. Wszyscy inni użytkownicy muszą mieć przypisane konto użytkownika, aby zalogować się i korzystać z oprogramowania.

**Ważne:** Każdy użytkownik musi mieć konto systemu Windows i hasło na komputerze CFX Maestro Dx SE, zanim będzie można przypisać konto użytkownika i rolę. Użytkownicy mogą być członkami grupy Użytkownicy systemu Windows lub grupy Administratorzy systemu Windows. Członkowie grupy Użytkownicy systemu Windows mają dostęp tylko do swoich CFX Maestro Dx SE plików i folderów. Członkowie grupy Administratorzy systemu Windows mają dostęp do plików i folderów wszystkich użytkowników na komputerze.

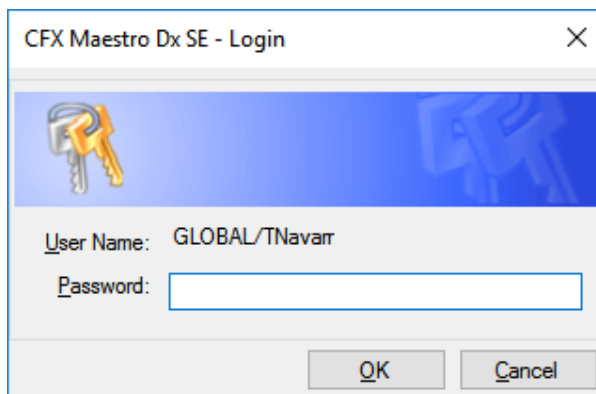
Ta część opisuje sposób tworzenia użytkowników Microsoft Windows, aby dodać tych użytkowników do CFX Maestro Dx SE. W tej sekcji wyjaśniono również, jak dodawać użytkowników CFX Maestro Dx SE oraz zarządzać rolami i uprawnieniami użytkowników.

## Uruchamianie produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

**Uwaga:** Każdy użytkownik musi zalogować się przy użyciu swojej nazwy użytkownika i hasła Windows.

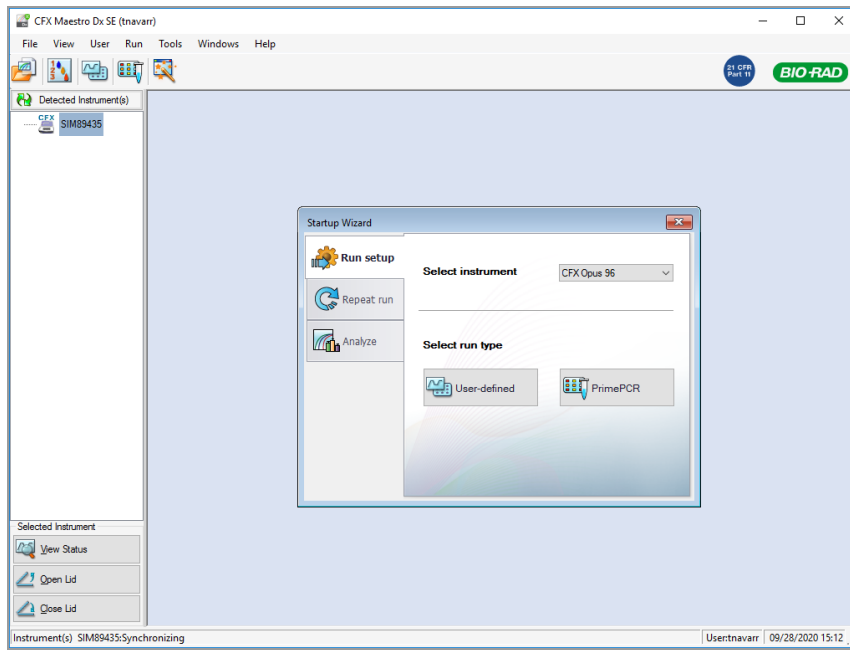
### Aby uruchomić system CFX Maestro Dx SE

1. Na pulpicie komputera CFX Maestro Dx SE, kliknąć dwukrotnie ikonę skrótu CFX Maestro Dx SE, aby uruchomić aplikację.
2. W oknie dialogowym logowania wpisać hasło systemu Windows i kliknąć przycisk OK.



CFX Maestro Dx SE otwiera się w oknie Home (Strona główna). Pasek tytułu wyświetla nazwę zalogowanego użytkownika Windows, a pasek menu wyświetla niebieską naklejkę wskazującą, że oprogramowanie jest zgodne z 21 CFR część 11, na przykład:

Uruchamianie produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security



## Dodawanie użytkowników Microsoft Windows do Komputera z produktem Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

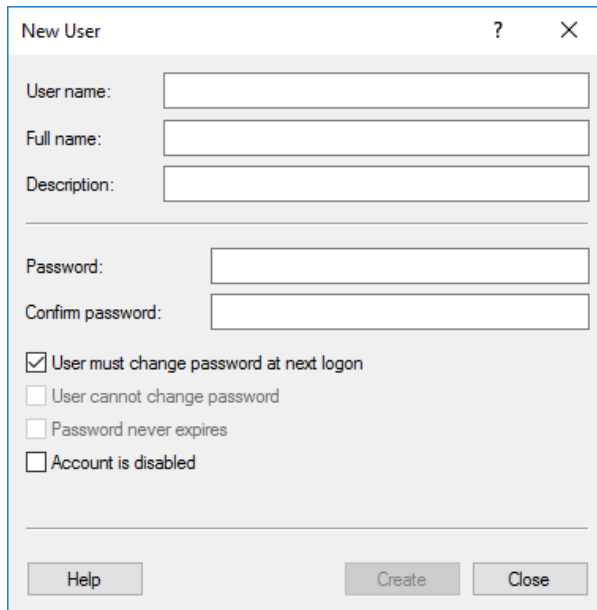
Wszyscy użytkownicy muszą zalogować się do komputera CFX Maestro Dx SE za pomocą nazwy użytkownika i hasła systemu Windows. Aby zapewnić dokładne śledzenie audytu, konta użytkowników systemu Windows nie mogą być dodawane za pośrednictwem okna dialogowego Start > Settings (Ustawienia) > Accounts (Konta). Konta użytkowników systemu Windows **należy** dodać za pomocą konsoli zarządzania komputerem.

**Ważne:** Zmiany wprowadzone we właściwościach użytkownika systemu Windows (w tym nazwa użytkownika i pełna nazwa) po utworzeniu skojarzonego CFX Maestro Dx SE użytkownika unieważnia użytkownika CFX Maestro Dx SE. Upewnij się, że informacje są poprawne przed zapisaniem użytkownika Windows i utworzeniem skojarzonego użytkownika CFX Maestro Dx SE.

**Wskazówka:** Przejrzyj dokumentację administracji Microsoft Windows i skontaktuj się z administratorem systemu Windows, aby uzyskać więcej informacji przed utworzeniem kont Windows.

### Aby dodać konta użytkowników systemu Windows do komputera CFX Maestro Dx SE

1. Zaloguj się do komputera CFX Maestro Dx SE jako członek grupy administratorów systemu Windows.
2. Na pulpicie kliknij prawym przyciskiem myszy My Computer (Mój komputer) i wybierz Manage (Zarządzaj), aby otworzyć konsolę Computer Management (Zarządzanie komputerem).
3. W konsoli Computer Management (Zarządzanie komputerem) rozwiń Users and Groups (Użytkownicy i grupy lokalne).
4. Kliknij prawym przyciskiem myszy folder Users (Użytkownicy) i wybierz opcję New User (Nowy użytkownik), aby otworzyć okno dialogowe New User.



The image shows a 'New User' dialog box with the following fields and options:

- User name: [Text input field]
- Full name: [Text input field]
- Description: [Text input field]
- Password: [Text input field]
- Confirm password: [Text input field]
- User must change password at next logon
- User cannot change password
- Password never expires
- Account is disabled

Buttons at the bottom: Help, Create, Close.

5. W oknie dialogowym New User (Nowy użytkownik) należy wypełnić następujące pola:
  - User name (Nazwa użytkownika)
  - Full name (Pełne imię i nazwisko)
  - Password (Hasło)
  - Confirm password (Potwierdź hasło)
6. Kliknąć opcję Create (Utwórz).

## Dodawanie i usuwanie użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

**Wskazówka:** Tylko użytkownicy z rolą Administratora CFX Maestro Dx SE mogą tworzyć i usuwać konta użytkowników w CFX Maestro Dx SE. Osoba, która zainstalowała CFX Maestro Dx SE ma automatycznie przypisaną rolę Administratora. Ta osoba może przypisać rolę Administratora innym użytkownikom.

**Uwaga:** W CFX Maestro Dx SE, przynajmniej jeden użytkownik musi mieć przypisaną rolę administratora.

### Aby dodać konta użytkowników CFX Maestro Dx SE

1. Należy sprawdzić, czy każdy zamierzony użytkownik jest członkiem grupy Użytkownicy systemu Windows lub grupy Administratorzy systemu Windows i ma hasło systemu Windows na komputerze CFX Maestro Dx SE.
2. Należy uruchomić CFX Maestro Dx SE i zalogować się jako Administrator.
3. W oknie Home (Strona główna) wybrać User (Użytkownik) > User Administration (Administrowanie użytkownikami).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe User Administration (Administrowanie użytkownikami).

User Administration					
Manage Users					
	User Name	Full Name	Role	Domain	Remove
1	tnavarr	Theresa Navaro	Administrator	GLOBAL	<input type="checkbox"/>
2	vbala	Vivek Balaguru	Principal	USHERJ28KYF2	<input type="checkbox"/>
3	msnyder	Matther Snyder	Principal	USHERJ28KYF2	<input type="checkbox"/>
4	bbrizel	Bradley Brizel	Operator	GLOBAL	<input type="checkbox"/>
5	Guest	Guest User	Guest	USHERJ28KYF2	<input type="checkbox"/>
6					<input type="checkbox"/>

Manage Rights (Managed by Administrator only)				
	Rights	Principal	Operator	Guest
1	Start, pause and abort runs	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
2	Add repeats to a run	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
3	Perform skip steps	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
4	Perform instrument calibration	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
5	Apply different calibrations to a data	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
6	Edit or replace plate during run	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
7	Edit or replace the plate after a run	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
8	Rename instruments	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
9	Save any file	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
10	Change threshold and baselines	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
11	Print reports	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
12	Setup Email	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Restore Default Rights      OK      Cancel

4. W sekcji Manage Users (Zarządzaj użytkownikami) należy podać następujące informacje dla każdego użytkownika:

- **User name** (Nazwa użytkownika) - w CFX Maestro Dx SE, **musi** to być nazwa logowania użytkownika do systemu Windows.

- **Full name** (Imię i nazwisko) - imię i nazwisko użytkownika.

Imię i nazwisko pojawi się w polu Full User w ścieżce audytu. Musi być takie samo, jak dane wprowadzone w polu Full Name (Pełna nazwa) podczas tworzenia użytkownika systemu Windows.

- **Role** (Rola) – rola do przypisania użytkownikowi.

**Uwaga:** Można wybrać tylko jedną rolę z listy rozwijanej. Aby uzyskać więcej informacji, patrz [Zarządzanie rolami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security](#).

- **Domain** (Domena) - domena Windows, z której użytkownik uzyskuje dostęp do oprogramowania.

Aby uzyskać więcej informacji, należy skontaktować się z administratorem systemu Windows.



5. Kliknąć przycisk OK, a następnie kliknąć przycisk Yes (Tak), aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe User Administration.

#### **Aby usunąć konto użytkownika w systemie CFX Maestro Dx SE**

1. Należy uruchomić CFX Maestro Dx SE i zalogować się jako Administrator.
2. W oknie Home (Strona główna), należy wybrać opcję User (Użytkownik)> User Administration (Administracja użytkownikami), aby otworzyć okno dialogowe User Administration.
3. W okienku Manage Users (Zarządzanie użytkownikami) wybrać opcję Remove (Usuń) dla każdego użytkownika, którego konto ma zostać usunięte.
4. Kliknąć przycisk OK, a następnie kliknąć przycisk Yes (Tak), aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe User Administration.

## **Zarządzanie rolami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security**

**Ważne:** CFX Maestro Dx SE wymaga, aby przynajmniej jeden użytkownik miał przypisaną rolę administratora. Można przypisać tę rolę więcej niż jednemu użytkownikowi.

CFX Maestro Dx SE ma cztery role użytkownika. Każdy użytkownik musi mieć przypisaną rolę, aby uzyskać dostęp do oprogramowania. Chociaż użytkownikom można przypisać tylko jedną rolę, w dowolnym momencie można zmienić rolę użytkownika.

Oprócz roli administratora można zmienić uprawnienia przypisane do każdej roli. Wszyscy użytkownicy, którym przypisano rolę, dziedziczą tylko uprawnienia tej roli.

Domyślnie prawa dla każdej roli są następujące:

- Administrator - ta rola ma wszystkie uprawnienia; nie można zmienić tych uprawnień.
- Principal (Kierownik) - ta rola ma wszystkie uprawnienia z wyjątkiem konfiguracji poczty e-mail.
- Operator - ta rola ma wszystkie uprawnienia poza pomijaniem cykli i konfigurowaniem poczty elektronicznej.
- Guest (Gość) - ta rola może tylko odczytywać pliki.

Podczas przypisywania ról w CFX Maestro Dx SE, należy dokładnie określić wymagania dla każdego użytkownika. Na przykład bez uprawnień do zapisywania użytkownicy, którym przypisano rolę gościa, nie będą mogli podpisać pliku. Bez uprawnień do konfiguracji konta e-mail żadna z ról nie otrzyma wiadomości e-mail po zakończeniu analizy.

### **Aby zmienić uprawnienia dla roli**

1. Należy uruchomić CFX Maestro Dx SE i zalogować się jako Administrator.
2. W oknie Home (Strona główna), należy wybrać opcję User (Użytkownik) > User Administration (Administracja użytkownikami), aby otworzyć okno dialogowe User Administration.
3. W sekcji Manage Rights (Zarządzaj uprawnieniami) dla każdej roli należy wyczyścić lub zaznaczyć pola wyboru określonych uprawnień, jeśli to konieczne.
4. Kliknąć przycisk OK, a następnie kliknąć przycisk Yes (Tak), aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe User Administration.

### **Wyświetlanie swojej roli i uprawnień**

**Wskazówka:** Użytkownicy z przypisanymi rolami użytkowników Principal (Przełożony), Operator lub Guest (Gość) mogą przeglądać tylko swoje ustawienia, prawa i role. Użytkownicy, którym przypisano rolę administratora, mogą wyświetlać wszystkie uprawnienia i role użytkowników.

#### **Wyświetlenie swojej bieżącej roli użytkownika i uprawnień**

- ▶ W oknie Home (Strona główna) wybrać User (Użytkownik) > User Administration (Administrowanie użytkownikami).

W celu zmodyfikowania ustawień użytkownika, uprawnień i ról wymienionych w oknie User Administration (Administrowanie użytkownikami) skontaktować się ze swoim administratorem systemu CFX Maestro Dx SE.



## Rozdział 4 Korzystanie z produktu

# Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

**Ważne:** Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security używa uwierzytelniania użytkowników systemu Microsoft Windows do weryfikacji dostępu do zabezpieczonych plików danych CFX. Należy skontaktować się z administratorem systemu Windows, aby utworzyć środowisko zgodne z wymaganiami 21 CFR część 11.

Korzystając z CFX Maestro Dx SE, użytkownicy mogą

- Podpisywać dane i pliki badań genów.
- Chronić pliki danych hasłem.
- Przeglądać i drukować ścieżki audytu.

Niniejsza sekcja szczegółowo wyjaśnia te funkcje.

### Zabezpieczone pliki

Domyślnie, CFX Maestro Dx SE zapisuje zabezpieczone pliki w folderze osobistym zalogowanego użytkownika, który znajduje się w

C:\Users\\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDX\My qPCR

W tym folderze możesz zapisywać i edytować pliki .pcrd. Folder ten zawiera odnośniki do innych folderów (np. folderu Sample Files (Pliki przykładowe)), które zawierają pliki tylko do odczytu. Jednak administrator może usunąć zawartość tego folderu.

**Wskazówka:** Alternatywnie, administrator systemu Windows może utworzyć folder współdzielony, a administrator CFX Maestro Dx SE może ustawić program tak, aby zapisywał wszystkie pliki w tym folderze.

W CFX Maestro Dx SE płytka, protokół, dane i pliki badań genów są oznaczone jako zabezpieczone podczas ich zapisywania. Można tworzyć te pliki w programie CFX Maestro lub w CFX Maestro Dx SE. Po ich zapisaniu w CFX Maestro Dx SE, można otwierać te pliki tylko w CFX Maestro Dx SE.

CFX Maestro Dx SE tworzy ścieżkę audytu dla wszystkich zabezpieczonych plików danych i badań genów (odpowiednio pliki .pcrd i .mgxd). Program rejestruje wszystkie czynności podlegające audytowi w ścieżce audytu pliku. Aby uzyskać więcej informacji, zobacz [Ścieżki audytu na stronie 329](#).

### Podpisywanie zabezpieczonych plików

Po zapisaniu pliku w CFX Maestro Dx SE, użytkownicy mogą dodać podpis elektroniczny. Aby podpisać plik, rola użytkownika musi mieć uprawnienia do zapisywania pliku. Na przykład domyślnie rola gościa nie ma uprawnień do zapisywania pliku, dlatego użytkownicy, którym przypisano tę rolę, nie mogą podpisywać pliku.

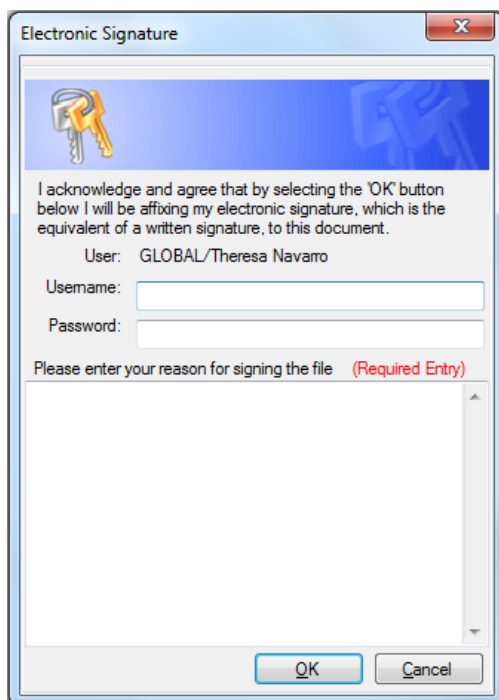
W CFX Maestro Dx SE, podpisane pliki nie są ustawione jako tylko do odczytu. Można je wielokrotnie przeglądać, modyfikować i podpisywać. Wszystkie zmiany i podpisy są śledzone w ścieżce audytu pliku. Można podpisywać następujące typy plików:

- Pliki danych (.pcrd)
- Pliki badań genów (.mgxd)

**Uwaga:** Pliki należy zapisać, zanim będzie można je podpisać. Jeśli ostatnio wykonano w CFX Maestro Dx SE analizę, najpierw należy zapisać wynikowy plik danych.

#### Aby podpisać plik

1. Należy zalogować się do CFX Maestro Dx SE za pomocą danych uwierzytelniających logowania do systemu Windows.
2. Otworzyć zabezpieczony plik danych lub plik badania genów, który ma zostać podpisany.
3. Wybrać polecenie File (Plik) > Sign (Podpisz). Pojawi się okno dialogowe Electronic Signature (Podpis elektroniczny).



4. Wprowadzić nazwę użytkownika i hasło systemu Windows oraz powód podpisania pliku.

Nazwa użytkownika i powód podpisania są zawarte w ścieżce audytu (więcej informacji znajduje się w sekcji [Ścieżki audytu na stronie 329](#)).

5. Kliknąć OK, aby przesać podpis i zamknąć okno dialogowe.

### Modyfikowanie zabezpieczonych plików

W CFX Maestro Dx SE, użytkownicy mogą modyfikować zabezpieczone pliki, w tym podpisane i niepodpisane dane oraz pliki badań genów. Oprogramowanie wyświetla monit o podanie przyczyny zmiany, gdy zapisywane są zmodyfikowane bezpieczne dane lub plik badania genów. Zmiany są śledzone w ścieżce audytu pliku.

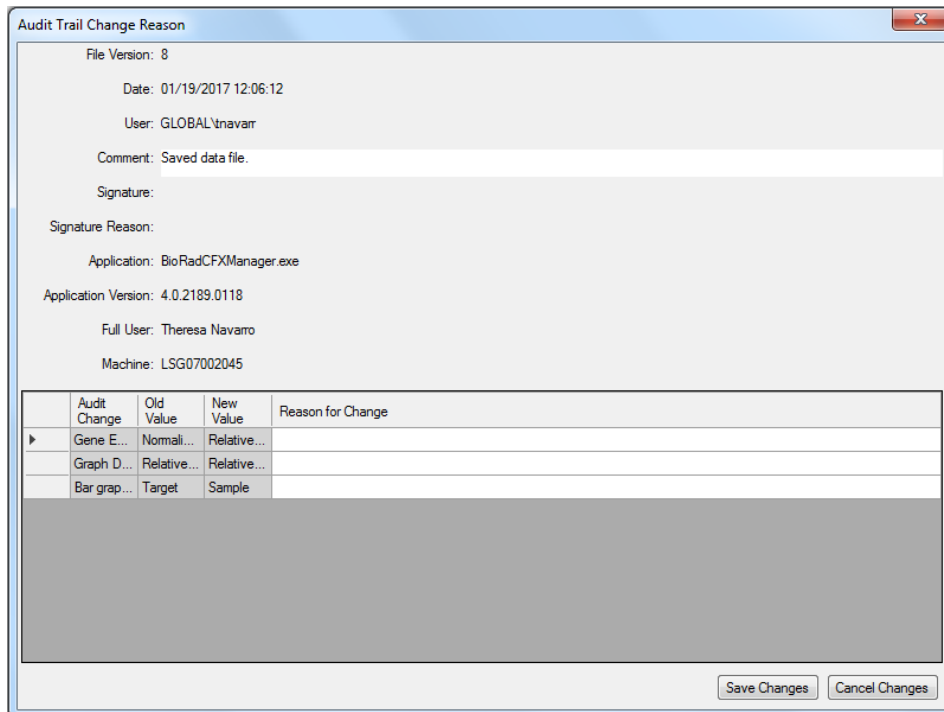
**Wskazówka:** Ponieważ oprogramowanie nie tworzy ścieżek audytu dla plików płytek lub protokołów, nie jest wyświetlany monit o podanie powodu podczas zapisywania zmian w tych plikach.

#### Aby zapisać zmodyfikowane dane lub plik badania genów

1. Należy zalogować się do CFX Maestro Dx SE za pomocą danych uwierzytelniających logowania do systemu Windows.
2. Otworzyć i zmodyfikować zabezpieczony plik danych lub plik badania genów.

**Wskazówka:** Lista działań podlegających audytowi znajduje się w sekcji [Zdarzenia podlegające audytowi na stronie 331](#).

- Wybrać File (Plik) > Save (Zapisz). Zostanie wyświetlone okno dialogowe Audit Trail Change Reason (Przyczyna zmiany ścieżki audytu).



W tym oknie dialogowym są wyświetlane następujące informacje, które są przechwytywane w nagłówku ścieżki audytu pliku dla każdego zdarzenia modyfikacji:

- **Date** (Data) – data, w której nastąpiła zmiana.
- **User** (Użytkownik) – domena Windows i nazwa zalogowanego użytkownika.
- **Comment** (Komentarz) – ostatni zapisany komentarz.
- **Signature** (Podpis) – podpis elektroniczny ostatniej osoby, która podpisała plik.
- **Signature reason** (Powód podpisu) – powód podpisu.
- **Application** (Aplikacja) – CFX Maestro Dx SE (pojawia się jako BioRadCFXManager.exe, co jest poprawne).
- **Application version** (Wersja aplikacji) – aktualna wersja CFX Maestro Dx SE .
- **Full user** (Imię i nazwisko) – imię i nazwisko zalogowanego użytkownika.

**Uwaga:** Te dane pojawiają się w ścieżce audytu.

- **Machine** (Maszyna) – komputer, na którym jest zainstalowany system.

W tabeli zmian są wyświetlane zmiany podlegające audytowi, które wystąpiły w wyniku modyfikacji. Może również pojawić się krótki opis powodu zmiany.

**Wskazówka:** Można dodawać lub edytować opisy w kolumnie Reason For Change (Powód zmiany).

4. Przeglądaj listę zmian. W razie potrzeby należy podać szczegółowe powody.
5. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Należy kliknąć Save Changes (Zapisz zmiany), aby zapisać zmiany w pliku, a także wszelkie zmiany wprowadzone w tabeli i zamknąć okno dialogowe.  
  
Zmiany w pliku i przyczyny zmian pojawiają się w ścieżce audytu pliku.
  - Kliknąć Cancel Changes (Anuluj zmiany), aby przywrócić plik do poprzedniego stanu i zamknąć okno dialogowe.  
  
Zmiany nie zostaną zapisane w pliku, a ścieżka audytu nie zostanie zaktualizowana.



## Ochrona hasłem plików

Jako dodatkowy poziom bezpieczeństwa, CFX Maestro Dx SE umożliwia użytkownikom ustawienie haseł do wszystkich zabezpieczonych plików. Podczas ustawiania haseł do zabezpieczonych plików należy wziąć pod uwagę następujące warunki:

Warunek	Działanie
No password is required (Hasło nie jest wymagane).	Wszyscy użytkownicy mogą otwierać, modyfikować i zapisywać zabezpieczony plik na podstawie swoich uprawnień.
File requires the Save password (Plik wymaga hasła zapisu).	Wszyscy użytkownicy mogą otwierać zabezpieczony plik, a użytkownicy znający hasło Zapisu mogą modyfikować i zapisywać bezpieczny plik.
File requires the Open password (Plik wymaga hasła Otwarcia).	Tylko użytkownicy znający hasło Otwarcia mogą otwierać, modyfikować i zapisywać bezpieczny plik.
File requires both the Open and Save passwords (Plik wymaga zarówno hasła Otwarcia, jak i Zapisu).	Niektórzy użytkownicy mogą otwierać zabezpieczony plik, a podgrupa tych użytkowników może modyfikować i zapisywać plik.

W zależności od roli użytkownika, każdy użytkownik może wykonać akcję Save As (Zapisz jako), aby utworzyć nowy zabezpieczony plik o innej nazwie lub zapisać plik o tej samej nazwie w innej lokalizacji, o ile spełniony jest jeden z poniższych warunków:

- Zabezpieczony plik nie jest chroniony hasłem.
- Użytkownik ma hasło do otwarcia pliku.

**Wskazówka:** Nowy plik jest zapisywany bez ochrony hasłem. Oryginalny plik zachowuje swoje hasła.

W zależności od roli, użytkownik może zmodyfikować i zapisać oryginalny plik, o ile spełniony jest jeden z poniższych warunków:

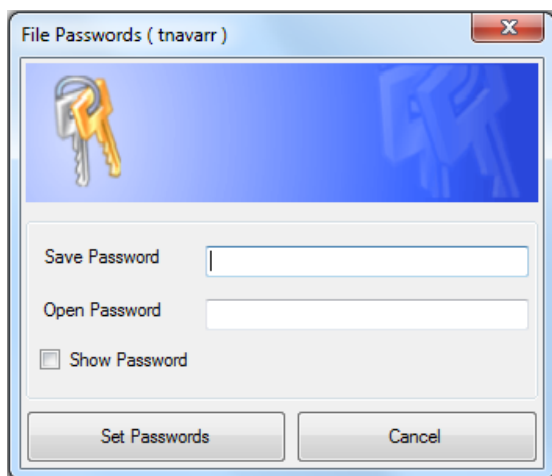
- Plik nie jest chroniony hasłem.
- Użytkownik ma hasło do otwarcia i hasło do zapisania pliku.

**Uwaga:** Rola użytkownika musi obejmować prawo do zapisywania plików w celu ustawienia haseł. Na przykład użytkownicy z rolą Gość nie mogą zapisywać plików i dlatego nie mogą ustawiać haseł do pliku.

**Ważne:** Tylko administratorzy CFX Maestro Dx SE mogą resetować lub usuwać hasła.

## Aby zabezpieczyć plik hasłem

1. Należy zalogować się do CFX Maestro Dx SE za pomocą danych uwierzytelniających systemu Windows.
2. Otworzyć zabezpieczony plik.
3. Wybrać polecenie File (Plik) > File Passwords (Hasła do pliku). Zostanie wyświetlone okno dialogowe File Passwords (Hasła pliku).



4. Wprowadzić hasła w polach Save Password (Hasło Zapisu) i Open Password (Hasło Otwarcia).

**Wskazówka:** Domyślnie hasła podczas wpisywania są wyświetlane jako znaki gwiazdki. Wybrać opcję Show Password (Pokaż hasło), aby wyświetlać hasło podczas wpisywania.

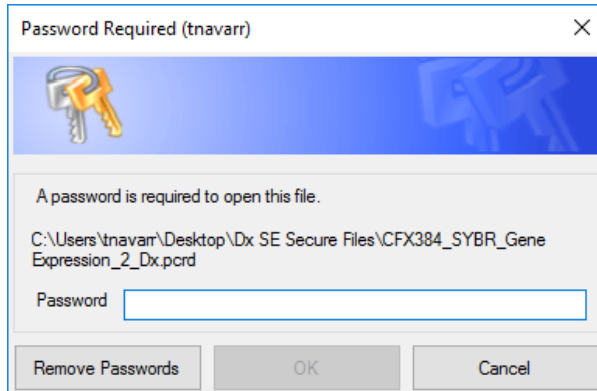
**Ważne:** W hasłach rozróżniane są duże i małe litery. CFX Maestro Dx SE nie nakłada ograniczeń na hasła. Aby uzyskać najlepsze praktyki, należy skontaktować się z administratorem systemu w sprawie wymagań dotyczących hasła w Twojej witrynie.

5. Należy kliknąć Set Passwords (Ustaw hasła), aby ustawić hasła i zamknąć okno dialogowe.
6. Wybrać polecenie File (Plik) > Save (Zapisz), aby zapisać zmiany w pliku.

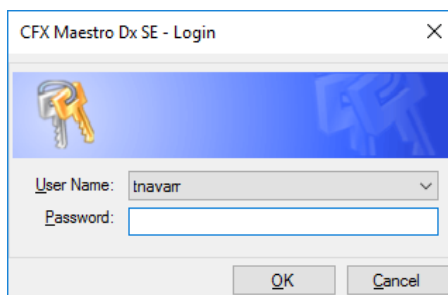
## Aby usunąć hasła

**Ważne:** Musisz być administratorem CFX Maestro Dx SE, aby usuwać hasła.

1. W oknie dialogowym Password Required (Wymagane hasło), należy kliknąć opcję Remove Passwords (Usuń hasła).



Pojawi się okno dialogowe logowania do CFX Maestro Dx SE.



2. Należy podać nazwę użytkownika i hasło systemu Windows dla administratora CFX Maestro Dx SE i kliknąć OK.

Pojawi się oryginalny plik danych.

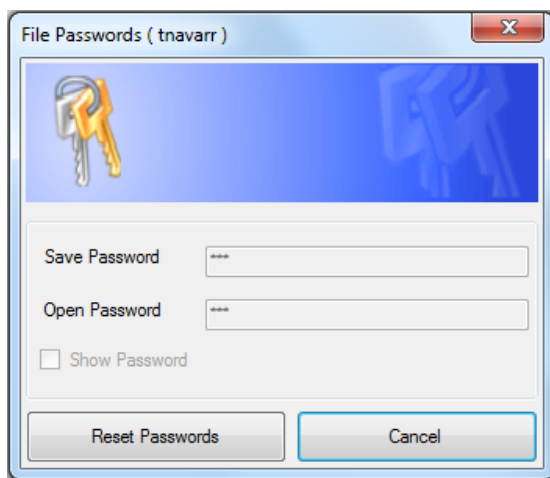
**Ważne:** Aby usunąć hasła należy zapisać plik.

3. Wybrać polecenie File (Plik) > Save (Zapisz), aby zapisać zmiany w pliku.

## Aby zmienić hasła

**Ważne:** Tylko administratorzy CFX Maestro Dx SE mogą zmieniać hasła.

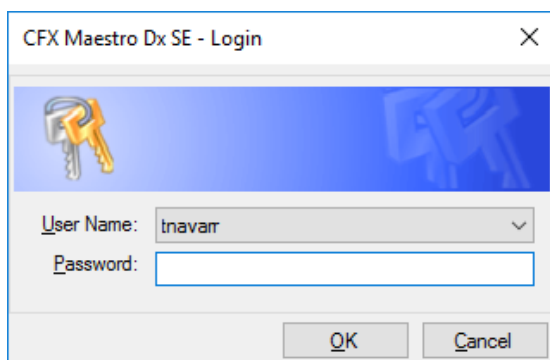
1. Otworzyć zabezpieczony plik.
2. Wybrać polecenie File (Plik) > File Passwords (Hasła do pliku). Zostanie wyświetlone okno dialogowe File Passwords (Hasła pliku).



**Wskazówka:** Opcje Save Password (Hasło Zapisu), Open Password (Hasło Otwarcia) i Show Password (Pokaż hasło) są wyłączone.

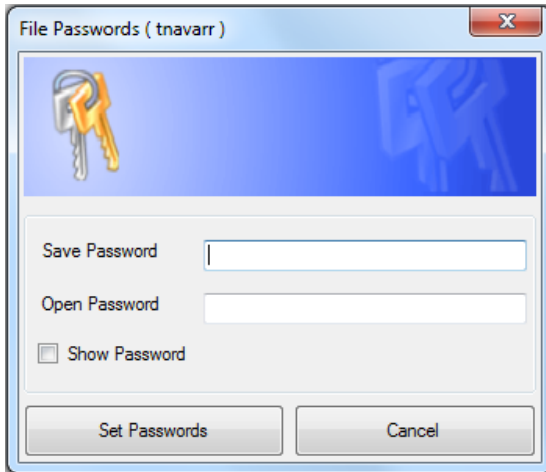
3. Kliknąć Reset Passwords (Resetuj hasła).

Pojawi się okno dialogowe logowania do CFX Maestro Dx SE.



4. Należy podać nazwę użytkownika i hasło systemu Windows dla administratora CFX Maestro Dx SE i kliknąć OK.

Zostanie wyświetlone okno dialogowe File Passwords (Hasła pliku).



5. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Aby zresetować ochronę hasłem, należy wpisać nowe hasło w odpowiednim polu hasła.
  - Aby usunąć ochronę hasłem, należy wyczyścić pole hasła.
6. Należy kliknąć opcję Set Passwords (Ustaw hasła), aby zapisać zmiany hasła i zamknąć okno dialogowe.

## Rozdział 5 Przestrzeń robocza

Produkt Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security zapewnia interfejs do konfigurowania płytek, opracowywania protokołów PCR, uruchamiania ich w aparatach CFX Opus Dx Deewell Dx oraz analizowania danych z analiz PCR.

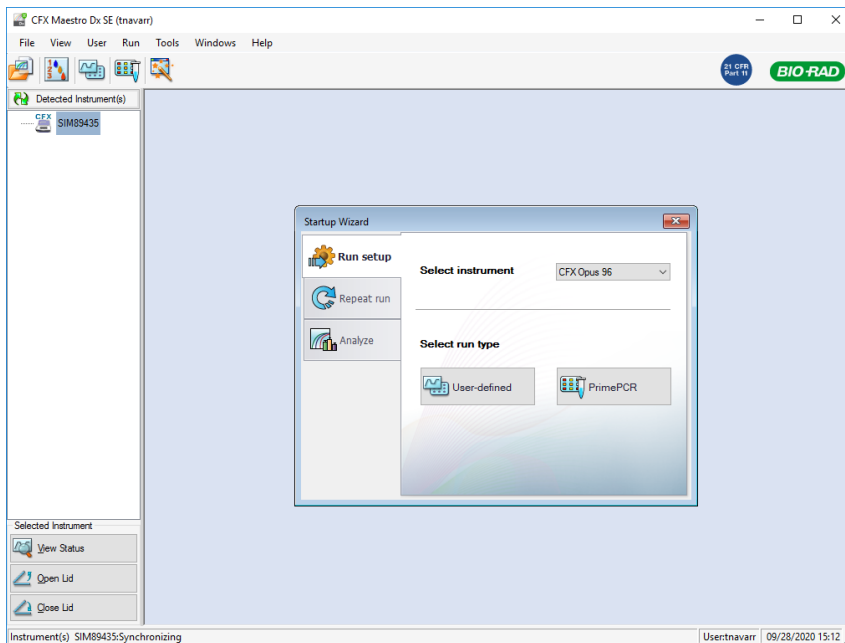
CFX Maestro Dx SE zawiera pięć głównych przestrzeni roboczych:

- okno Home (Strona główna),
- Kreator Startup Wizard (Kreator startowy)
- okno Protocol Editor (Edytor protokołu),
- okno Plate Editor (Edytor płytki),
- okno Data Analysis (Analiza danych).

W tym rozdziale pokazano i pokrótce opisano każdą z tych przestrzeni roboczych.

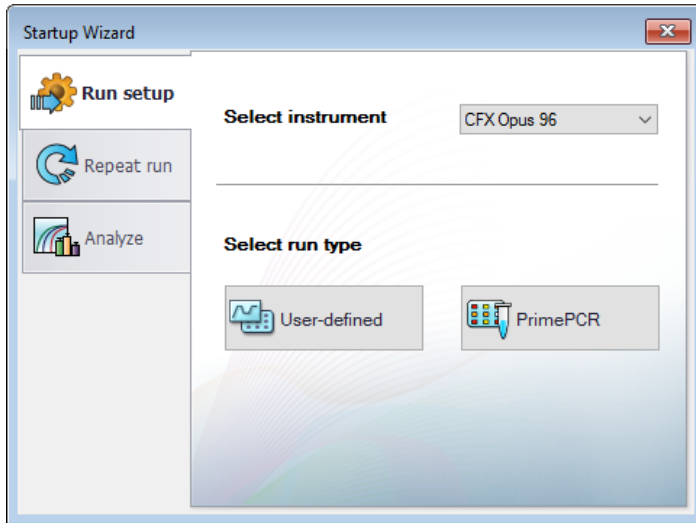
## Okno Home (Strona główna)

Po uruchomieniu oprogramowania CFX Maestro Dx SE otwiera się okno Home (Strona główna) i wyświetla się okno Startup Wizard (Kreator startowy), w którym można skonfigurować eksperyment, wykonać lub powtórzyć analizę próbek oraz wykonać analizę danych dla istniejących wyników. W oknie Home (Strona główna) można też przeglądać dzienniki aplikacji i aparatów, tworzyć użytkowników i zarządzać nimi oraz przechodzić do wielu przydatnych narzędzi. Więcej informacji zamieszczono w sekcji [Rozdział 6, Okno Home \(Strona główna\)](#).



## Kreator Startup Wizard (Kreator startowy)

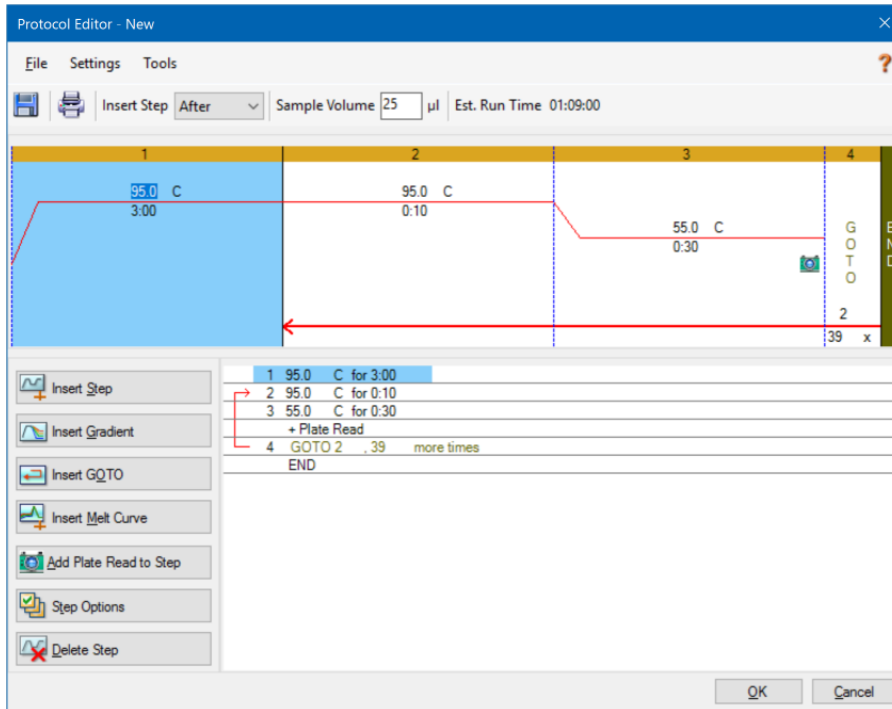
Za pomocą kreatora Startup Wizard (Kreator startowy) można szybko skonfigurować i uruchomić eksperymenty zdefiniowane przez użytkownika albo wybrać i uruchomić eksperyment PrimePCR. Korzystając z tego kreatora można również powtórzyć analizę lub przeanalizować dane z analizy.





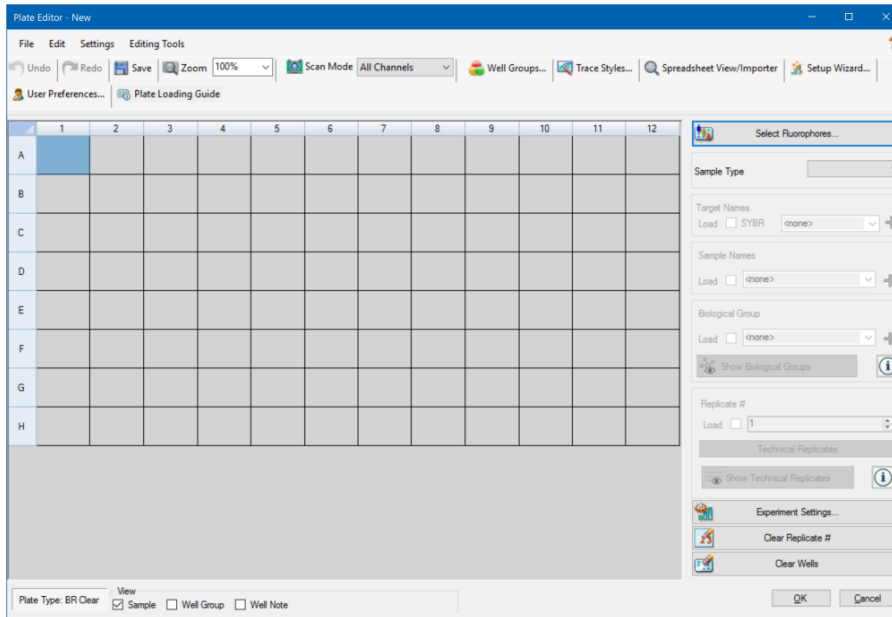
## Okno Protocol Editor (Edytor protokołu)

W oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) można tworzyć, otwierać, przeglądać i edytować protokół. Można też zmodyfikować temperaturę pokrywy dla otwartego protokołu. Funkcja Protocol Editor (Edytor protokołu) jest szczegółowo opisana w sekcji [Rozdział 7, Tworzenie protokołów](#).



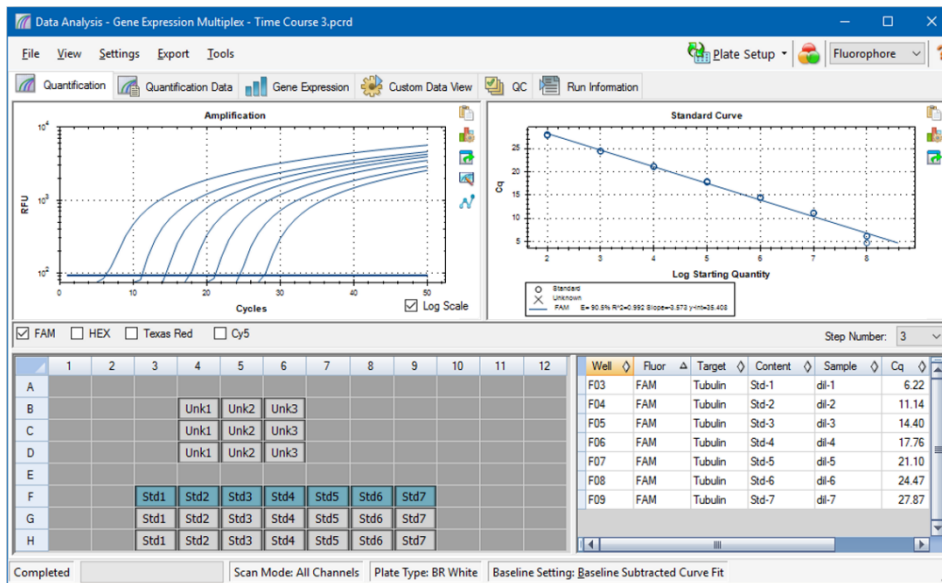
## Okno Plate Editor (Edytor płytki)

W oknie Plate Editor (Edytor płytki) można tworzyć płytki, a także otwierać je, przeglądać i edytować. Funkcja Plate Editor (Edytor płytki) jest szczegółowo opisana w sekcji [Rozdział 8, Przygotowywanie płytek](#).



## Okno Data Analysis (Analiza danych)

W oknie Data Analysis (Analiza danych) można wyświetlać i porównywać dane analiz, wykonywać analizy statystyczne, eksportować dane oraz tworzyć raporty gotowe do publikacji. Funkcjonalność Data Analysis (Analiza danych) jest szczegółowo opisana w sekcji [Rozdział 10, Przegląd informacji o analizie danych](#) oraz w sekcji [Rozdział 11, Szczegóły okna Data Analysis \(Analiza danych\)](#).



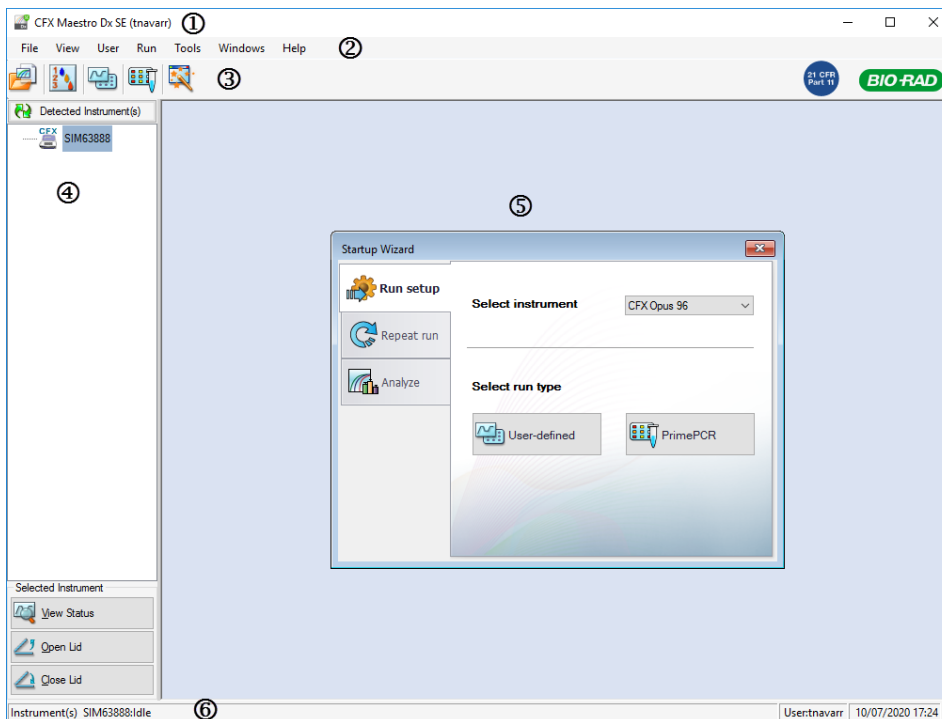
## Rozdział 6 Okno Home (Strona główna)

Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security zapewnia interfejs do opracowywania protokołów PCR, uruchamiania ich w systemach Dx oraz obróbki danych z analiz PCR.

Niniejszy rozdział stanowi wstęp do produktu CFX Maestro Dx SE oraz opisuje funkcje dostępne z okna Home (Strona główna).

## Okno Home (Strona główna)

Po uruchomieniu oprogramowania CFX Maestro Dx SE otwiera się okno Home (Strona główna) i wyświetla się okno Startup Wizard (Kreator startowy), w którym można skonfigurować analizę próbek, wykonać ją lub powtórzyć oraz wykonać analizę danych dla istniejących wyników. W oknie Home (Strona główna) można też przeglądać dzienniki aplikacji i aparatów, tworzyć użytkowników i zarządzać nimi oraz przechodzić do wielu przydatnych narzędzi.



### LEGENDA

1. Na pasku tytułu oprogramowania wyświetlana jest nazwa oprogramowania oraz zalogowanego użytkownika.
2. Pasek menu zapewnia szybki dostęp do poleceń menu File (Plik), View (Widok), Users (Użytkownicy), Run (Analiza próbek), Tools (Narzędzia), Window (Okno) i Help (Pomoc).
3. Polecenia na pasku narzędzi zapewniają szybki dostęp do opcji menu.

4. W lewym panelu wyświetlane są aparaty podłączone do komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE oraz przyciski, za pomocą których można obsługiwać pokrywę i przeglądać stan aparatów.

---

5. W panelu głównym wyświetlane jest okno robocze. Domyślnym oknem roboczym na ekranie Home (Strona główna) jest kreator Startup Wizard (Kreator startowy).

---

6. Na pasku stanu wyświetlane są nazwy podłączonych aparatów oraz zalogowanego użytkownika.

## Polecenia menu File (Plik)

**New** (Nowy) — otwarcie okna dialogowego, w którym można utworzyć nowy protokół, płytkę lub badanie genów.

**Open** (Otwórz) — otwarcie okna dialogowego, w którym można przejść do istniejącego protokołu, płytki, pliku danych, badania genów, pliku LIMS, analizy próbek z niezależnego aparatu (niezależnej analizy) lub pliku analizy PrimePCR oraz otworzyć taki plik.

**Recent Data Files** (Ostatnie pliki danych) — wyświetlanie listy ostatnio otwieranych plików PCR.

**Repeat a Run** (Powtórz analizę próbek) — otwarcie Eksploratora Windows w miejscu zapisanych plików PCR, gdzie można znaleźć analizę próbek do powtórzenia.

**Exit** (Wyjście) — zamknięcie oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

## Polecenia menu View (Widok)

**Application Log** (Dziennik aplikacji) — umożliwia wyświetlenie dziennika użycia oprogramowania począwszy od dnia instalacji do dnia bieżącego.

**Run Reports** (Raporty z analiz próbek) — służy do wyświetlania listy raportów dotyczących analiz.

**Startup Wizard** (Kreator startowy) — umożliwia wyświetlenie kreatora Startup Wizard (Kreator startowy) w oknie głównym.

**Run Setup** (Konfiguracja analizy próbek) — umożliwia wyświetlenie okna Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) w panelu głównym.

**Instrument Summary** (Podsumowanie aparatu) — umożliwia wyświetlenie okna Instrument Summary (Podsumowanie aparatu) w panelu głównym.

**Detected Instruments** (Wykryte aparaty) — umożliwia naprzemienne włączanie i wyłączenie wyświetlania podłączonych aparatów w lewym panelu. Domyślnie w oprogramowaniu podłączone aparaty są wyświetlane w lewym panelu.

**Toolbar** (Pasek narzędzi) — umożliwia naprzemienne włączanie i wyłączanie wyświetlania paska narzędzi u góry ekranu. Domyślnie oprogramowanie wyświetla ten pasek narzędzi.

**Status Bar** (Pasek stanu) — umożliwia naprzemienne włączanie i wyłączanie wyświetlania paska stanu u dołu ekranu. Domyślnie oprogramowanie wyświetla ten pasek stanu.

**Show** (Pokaż) — umożliwia otwarcie okna dialogowego, z którego można

- Wyświetlać lub blokować dziennik stanu.
- Otwierać i wyświetlać folder danych oprogramowania CFX Maestro Dx SE.
- Otwierać i wyświetlać folder danych użytkownika.
- Otwierać i wyświetlać folder pliku systemu LIMS.
- Otwierać i wyświetlać folder PrimePCR.
- Wyświetlać historię analiz.
- Wyświetlać właściwości wszystkich podłączonych aparatów.

## Polecenia menu User (Użytkownik)

**Select User** (Wybierz użytkownika) — otwarcie ekranu Login (Logowanie), na którym można wybrać użytkownika z listy rozwijanej User Name (Nazwa użytkownika) i zalogować się do aplikacji.

**Change Password** (Zmień hasło) — otwarcie okna dialogowego Change Password (Zmień hasło), w którym użytkownicy mogą zmienić swoje hasło.

**Uwaga:** Ta opcja jest wyłączona dla CFX Maestro Dx SE. Użytkownicy muszą zmienić swoje hasło do systemu Windows, aby zmienić swoje hasło do produktu CFX Maestro Dx SE.

**User Preferences** (Preferencje użytkownika) — otwarcie okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika), w którym użytkownicy mogą zmieniać domyślne ustawienia następujących funkcji:

- wysyłanie i otrzymywanie powiadomień pocztą e-mail po zakończeniu analizy próbek,
- wysyłanie plików danych,
- tworzenie protokołów za pomocą opcji Protocol Editor (Edytor protokołu) i Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu),
- tworzenie płytek,
- analizowanie danych,
- przeprowadzanie analizy ekspresji genu,
- określanie jakości danych,

- eksportowanie danych aparatu CFX.

**User Administration** (Administrowanie użytkownikami) — otwarcie okna dialogowego User Administration (Administrowanie użytkownikami), w którym administratorzy mogą tworzyć użytkowników, modyfikować uprawnienia przypisane do ról i przypisywać role użytkownikom.

**Bio-Rad Service Login** (Logowanie serwisowe) — wyłącznie dla personelu działu wsparcia technicznego firmy Bio-Rad. Nie wybierać tego polecenia.

## Polecenia menu Run (Analiza próbek)

**User-defined Run** (Analiza próbek definiowana przez użytkownika) — otwarcie okna Run Setup (Konfiguracja analizy próbek), w którym można skonfigurować protokół i płytkę definiowane przez użytkownika, a następnie uruchomić eksperyment PCR w wybranym aparacie.

**PrimePCR Run** (Analiza PrimePCR) — otwarcie zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z domyślnym protokołem i układem płytki PrimePCR załadowanymi w oparciu o wybrany aparat.

**End-Point Only Run** (Analiza wyłącznie punktu końcowego) — otwarcie zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z domyślnym protokołem i układem płytki dla punktu końcowego załadowanymi w oparciu o wybrany aparat.

**Qualification Run** (Analiza kwalifikacyjna) — otwarcie zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z domyślnym protokołem kwalifikacji Bio-Rad i układem płytki załadowanym zgodnie z wybranym aparatem.

## Polecenia menu Tools (Narzędzia)

**Master Mix Calculator** (Kalkulator dla Master Mix-u) — służy do otwierania kalkulatora mieszanki głównej, w którym można utworzyć mieszaninę reakcyjną oraz wydrukować obliczenia.

**Protocol AutoWriter** (Automatyczny kreator protokołu) — służy do otwierania okna dialogowego Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu), w którym można łatwo utworzyć nowy protokół.

**T<sub>a</sub> Calculator** (Kalkulator T<sub>a</sub>) — służy do otwierania kalkulatora T<sub>a</sub>, w którym można łatwo obliczyć temperaturę annealingu primerów.

**Dye Calibration Wizard** (Kreator kalibracji barwnika) — służy do otwierania kreatora Dye Calibration Wizard (Kreator kalibracji barwnika), w którym można skalibrować aparat dla nowego fluoroforu.

**Reinstall Instrument Drivers** (Przeinstaluj sterowniki aparatu) — umożliwia ponowne zainstalowanie sterowników, które kontrolują komunikację z systemami PCR w czasie rzeczywistym firmy Bio-Rad.



**Zip Data and Log Files** (Pakuj dane i pliki dzienników) — umożliwia otwarcie okna dialogowego, w którym można wybrać pliki do spakowania i zapisania w pliku zip, który następnie można przekazać do archiwizacji albo wysłać pocztą e-mail.

**Batch Analysis** (Analiza seryjna) — umożliwia otwarcie okna dialogowego Batch Analysis (Analiza seryjna), w którym można skonfigurować parametry analizowania więcej niż jednego pliku danych jednocześnie.

**Options** (Opcje) — otwiera okno dialogowe, w którym można:

- Konfigurować ustawienia serwera poczty e-mail.
- Konfigurować ustawienia eksportu dla systemu LIMS, Seegene oraz innych plików danych.

**Wskazówka:** Można także wybrać opcję automatycznego uruchamiania przeglądarki Seegene podczas eksportu, jeśli podjęta zostanie decyzja o wyeksportowaniu danych w formacie Seegene.

- Zmienić język, w którym wyświetlany jest interfejs użytkownika (angielski, chiński, rosyjski)

**Ważne:** Aby wyświetlić wybrany język, należy ponownie uruchomić CFX Maestro Dx SE.

**Ważne:** Język systemu operacyjnego musi odpowiadać językowi, który ma być wyświetlany w interfejsie CFX Maestro Dx SE.

## Polecenia menu Help (Pomoc)

**Wskazówka:** Menu Help (Pomoc) jest dostępne na pasku menu we wszystkich oknach oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

**Contents** (Spis treści) — przedstawia zakładkę Contents (Spis treści) w systemie pomocy oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

**Index** (Indeks) — przedstawia zakładkę Index (Indeks) w systemie pomocy oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

**Search** (Wyszukaj) — przedstawia zakładkę Search (Szukaj) w systemie pomocy oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

**Open User Guide** (Otwórz podręcznik użytkownika) — otwiera plik PDF zawierający ten podręcznik.

**Additional Documentation** (Dodatkowa dokumentacja) – zapewnia dostęp do instrukcji obsługi systemów CFX Opus Dx Real-Time PCR.

**Release Notes** (Uwagi do wydania) — otwiera dokument Release Notes (Uwagi do wydania) dotyczący zainstalowanej wersji oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

**Video Resources** (Zasoby wideo) — umożliwia otwarcie strony WWW zawierającej zasoby wideo Bio-Rad, na przykład filmy instruktażowe.

**qPCR Applications and Technologies Web Site** (Serwis WWW poświęcony zastosowaniom i technologiom qPCR) — umożliwia otwarcie serwisu WWW firmy Bio-Rad poświęconego zastosowaniom i technologiom qPCR, z którego można uzyskać informacje o PCR w czasie rzeczywistym (qPCR).

**PCR Reagents Web Site** (Serwis internetowy poświęcony odczynnikiem PCR) — umożliwia przejście do serwisu internetowego firmy Bio-Rad poświęconego odczynnikiem PCR i qPCR, z którego można zamawiać odczynniki PCR, mieszaniny główne, barwniki oraz zestawy.

**PCR Plastic Consumables Web Site** (Serwis internetowy poświęcony materiałom eksploatacyjnym z tworzyw sztucznych do PCR) — umożliwia przejście do serwisu WWW firmy Bio-Rad poświęconego materiałom eksploatacyjnym i elementom z tworzyw sztucznych, z którego można zamawiać płytki PCR, folie adherentne do płytek, próbówki i zatyczki, a także inne akcesoria z tworzyw sztucznych.

**Software Web Site** (Serwis internetowy poświęcony oprogramowaniu) — umożliwia przejście do serwisu internetowego firmy Bio-Rad poświęconego oprogramowaniu do analiz PCR, z którego można zamawiać zaktualizowane wersje oprogramowania CFX Maestro Dx SE firmy Bio-Rad.

**About** (Informacje o) — wyświetla informacje o prawach autorskich oraz o wersji oprogramowania CFX Maestro Dx SE.

## Polecenia na pasku narzędzi



— służy do otwierania Eksploratora Windows, w którym można przechodzić do plików danych i otwierać je, a także generować pliki badań.



— służy do otwierania kalkulatora Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u).



— umożliwia otwarcie okna Run Setup (Konfiguracja analizy).



— umożliwia otwarcie okna Run Setup (Konfiguracja analizy) z domyślnym protokołem PrimePCR i układem płytki odpowiednim do wybranego aparatu.

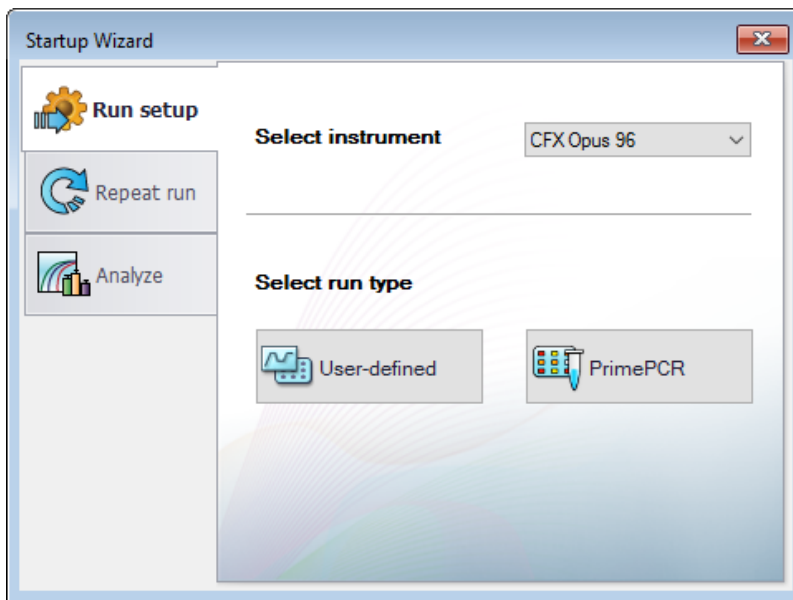


— umożliwia otwarcie kreatora Startup Wizard (Kreator startowy).

## Kreator Startup Wizard (Kreator startowy)

Gdy oprogramowanie CFX Maestro Dx SE uruchamia się, w panelu roboczym wyświetlany jest Startup Wizard (Kreator startowy). W oknie Startup Wizard (Kreator startowy) można:

- wybrać aparat z listy wykrytych aparatów i skonfigurować analizę próbek definiowaną przez użytkownika lub analizę PrimePCR;
- otworzyć i powtórzyć analizę próbek;
- otworzyć plik danych, aby przeanalizować wyniki pojedynczej analizy próbek, lub plik badania genów, aby uzyskać wyniki z wielu analiz ekspresji genu.



Te zadania są dokładniej objaśnione w poniższych rozdziałach.

## Pasek stanu

Lewa strona paska stanu u dołu głównego okna oprogramowania przedstawia bieżący status wykrytych aparatów. Po prawej stronie paska stanu wyświetlana jest nazwa bieżącego użytkownika, a także godzina i data.

## Panel Detected Instruments (Wykryte aparaty)

W panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) wyświetlane są poszczególne aparaty podłączone do komputera CFX Maestro Dx SE. Domyślnie każdy aparat jest widoczny jako ikona, a jego numer seryjny jako jego nazwa.

W tym okienku można

- Wyświetlić właściwości i skalibrowane barwniki dla wybranego aparatu.

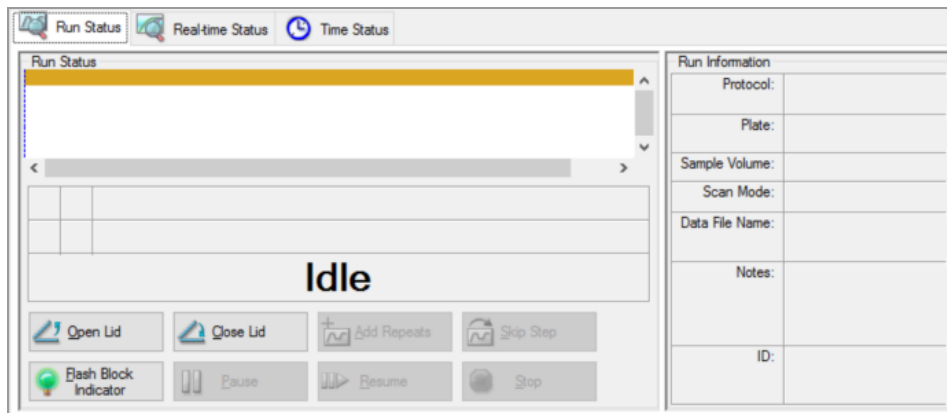
Informacje na temat właściwości aparatu zawiera sekcja [Przeglądanie właściwości aparatu na stronie 78](#).

- Wyświetlić status podłączonego aparatu.
- Otworzyć automatyczną pokrywę w wybranych aparatach.
- Zamknąć automatyczną pokrywę w wybranych aparatach.
- Wyświetlić status wszystkich podłączonych aparatów.

### Aby wyświetlić status podłączonego aparatu

- ▶ W panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) należy wybrać docelowy aparat i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć opcję View Status (Wyświetl status) w sekcji Selected Instrument (Wybrany aparat).
  - Kliknąć prawym przyciskiem myszy i w menu, które zostanie wyświetlone, wybrać opcję View Status (Wyświetl status).

Pojawi się okno dialogowe Run Details (Szczegóły analizy próbek) z wyświetloną zakładką Run Status (Stan analizy próbek). Status wybranego aparatu będzie widoczny poniżej panelu stanu analizy, na przykład:



### **Aby otworzyć lub zamknąć pokrywę aparatu**

- ▶ W panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) należy wybrać docelowy aparat i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć opcję Open Lid (Otwórz pokrywę) lub Close Lid (Zamknij pokrywę) w sekcji Selected Instrument (Wybrany aparat).
  - Kliknąć prawym przyciskiem myszy i w menu, które zostanie wyświetlone, wybrać odpowiednie działanie.
  - Otworzyć okno dialogowe Run Details (Szczegóły analizy próbek), wybrać zakładkę Run Status (Stan analizy próbek), a następnie kliknąć opcję Open Lid (Otwórz pokrywę) lub Close Lid (Zamknij pokrywę).

### **Aby wyświetlić status wszystkich wykrytych aparatów**

- ▶ Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - W sekcji All Instruments (Wszystkie aparaty) w panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) kliknąć opcję View Summary (Podsumowanie widoku).
  - W pasku menu wybrać polecenia View (Widok) > Instrument Summary (Podsumowanie aparatu).










Zostanie wyświetlone okno dialogowe Instrument Summary (Podsumowanie aparatu).

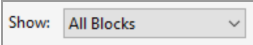
**Wskazówka:** Jeśli system wykryje tylko jeden podłączony aparat, wówczas sekcja All Instruments (Wszystkie aparaty) nie będzie widoczna w panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty). Aby wyświetlić podsumowanie jednego aparatu, należy wybrać polecenia View (Widok) > Instrument Summary (Podsumowanie aparatu).

## Elementy sterujące na pasku narzędzi Instrument Summary (Podsumowanie aparatu)

Tabela 5 przedstawia elementy sterujące i funkcje paska narzędzi Instrument Summary (Podsumowanie aparatu).

Tabela 5. Elementy sterujące na pasku narzędzi Instrument Summary (Podsumowanie aparatu)

Przycisk	Nazwa przycisku	Funkcja
	Create a new Run (Utwórz nową analizę)	Tworzy analizę w wybranym bloku poprzez otwarcie okna Run Setup (Konfiguracja analizy próbek).
	Stop (Zatrzymaj)	Zatrzymuje bieżącą analizę w wybranych blokach.
	Pause (Wstrzymaj)	Wstrzymuje bieżącą analizę w wybranych blokach.
	Resume (Wznów)	Wznawia analizę w wybranych blokach.
	Flash Block Indicator (Zamigaj wskaźnikiem bloku)	Powoduje mignięcie diody LED na pokrywie wybranych bloków.
	Open Lid (Otwórz pokrywę)	Otwiera automatyczną pokrywę wybranych bloków.
	Close Lid (Zamknij pokrywę)	Zamy automatyczną pokrywę wybranych bloków.
	Hide Selected Blocks (Ukryj wybrane bloki)	Ukrywa wybrane bloki na liście Instrument Summary (Podsumowanie aparatu)
	Show All Blocks (Pokaż wszystkie bloki)	Wyświetla wybrane bloki na liście Instrument Summary (Podsumowanie aparatu)

Przycisk	Nazwa przycisku	Funkcja
	Show (Pokaż)	Należy wybrać bloki, które pojawią się na liście. Należy wybrać jedną z opcji, aby wyświetlić wszystkie wykryte bloki, wszystkie bloki bezczynne, wszystkie bloki wykorzystywane do analizy przez bieżącego użytkownika albo wszystkie bloki, na których trwa analiza.

## Przeglądanie właściwości aparatu

Za pomocą panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) można przeglądać szczegółowe informacje o wybranym aparacie, w tym jego właściwości, stan śruby transportowej (tylko CFX Connect i CFX Touch) i listę skalibrowanych barwników (fluoroforów).

### Przeglądanie właściwości aparatu

- ▶ W panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) kliknąć prawym przyciskiem myszy docelowy aparat i wybrać opcję Properties (Właściwości) w wyświetlonym wtedy menu.

### Zakładka Properties (Właściwości)

W zakładce Properties (Właściwości) wymienione są szczegóły techniczne wybranego aparatu, w tym jego model, numery seryjne jego podzespołów oraz wersje oprogramowania układowego. Domyślna nazwa aparatu (jego numer seryjny) jest wyświetlana w wielu miejscach, w tym w panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) i na pasku nagłówka okna dialogowego Instrument Properties (Właściwości aparatu). Można zmienić nazwę aparatu, aby łatwiej go rozpoznawać.

**Uwaga:** Za pomocą oprogramowania CFX Maestro nie można zmienić nazwy aparatu CFX Opus.

### Zakładka Calibrated Dyes (Barwniki skalibrowane)

W zakładce Calibrated Dyes (Barwniki skalibrowane) wyświetlane są skalibrowane fluorofory i płytki dla wybranego aparatu.

Instrument Properties - [782BR01003]						
Properties Shipping Screw Calibrated Dyes						
	Fluorophore	Channel	Plate Type	Calibrated By	Date	Errors
1	Cal Gold 540	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
2	Cal Gold 540	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
3	Cal Orange 560	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
4	Cal Orange 560	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
5	FAM	1	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
6	FAM	1	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
7	HEX	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
8	HEX	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
9	SYBR	1	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
10	SYBR	1	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>
11	VIC	2	BR Clear	Factory	07/20/2021 17:05:42	<input type="checkbox"/>
12	VIC	2	BR White	Factory	07/20/2021 16:55:53	<input type="checkbox"/>

Aby wyświetlić szczegółowe informacje o kalibracji, kliknąć jej przycisk Info w kolumnie Detail (Szczegóły).



## Czynności do wykonania przed rozpoczęciem korzystania z produktu

W tej sekcji opisano czynności, które mogą być konieczne do wykonania przed użyciem CFX Maestro Dx SE. Są to:

- Tworzenie Master Mix-u do reakcji
- Kalibrowanie nowych barwników

### Tworzenie Master Mix-u do reakcji

Za pomocą funkcji Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u) w programie CFX Maestro Dx SE można łatwo obliczyć wymaganą objętość każdego składnika dla Master Mix-u. Można wydrukować tabelę obliczeń dla Master Mix-u w domyślnej drukarce oraz zapisać obliczenia dla każdego docelowego genu do wykorzystania w przyszłości.

#### **Utworzenie Master Mix-u do reakcji za pomocą Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u)**

1. Aby otworzyć Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u), wykonać jedną z następujących czynności:
  - Wybrać Tools (Narzędzia) > Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u).
  - Kliknąć Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u) na pasku narzędzi.

Zostanie wyświetlony Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u).

Component	Volume Per Reaction (µl)	Total Volume for 96 Reactions + (5)%
*		

2. W części Reaction (Reakcja) wybrać metodę detekcji:
  - SYBR® Green/EvaGreen®
  - Probes (Sondy)
3. Aby utworzyć nowy gen docelowy, kliknąć Create New (Utwórz nowy) w części Target (Gen docelowy). Nowa nazwa genu docelowego pojawi się na liście rozwijanej genów docelowych.
4. (Opcjonalnie) Aby zmienić domyślną nazwę genu docelowego:
  - a. Podświetlić nazwę genu docelowego na liście rozwijanej genów docelowych.
  - b. Wpisać nową nazwę genu docelowego w polu Target (Gen docelowy).
  - c. Naciśnąć klawisz Enter.
5. Dostosować Starting Concentration (Stężenie początkowe) i Final Concentration (Stężenie końcowe) dla primerów wiodących i odwrotnych oraz wszelkich sond.

6. W części Master Mix Setup (Konfiguracja Master Mix-u) dostosować wartości dla:
  - liczby reakcji do uruchomienia,
  - objętości reakcyjnej na studzienkę,
  - objętości matrycy na studzienkę,
  - stężenia Supermix na studzienkę,
  - nadmiaru objętości reakcyjnej na studzienkę.
7. (Opcjonalnie) Wykonać kroki 2–6 dla wszystkich koniecznych genów docelowych.
8. W części Choose Target to Calculate (Wybierz gen docelowy do obliczenia) wybrać gen docelowy do obliczenia.

**Wskazówka:** Można obliczać tylko jeden gen docelowy, kilka genów docelowych lub wszystkie jednocześnie.

Obliczone objętości wymaganych składników dla każdego wybranego genu docelowego są wyświetlane w tabeli Master Mix.
9. Kliknąć Set as Default (Ustaw jako domyślne), aby ustawić ilości wprowadzone w częściach Target (Gen docelowy) i Master Mix Setup (Konfiguracja Master Mix-u) jako nowe wartości domyślne.
10. Kliknąć OK, aby zapisać zawartość pola dialogowego Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u).

#### Wydruk tabeli obliczeń dla Master Mix-u

- ▶ Aby wydrukować tabelę obliczeń dla Master Mix-u, kliknąć Print (Drukuj).

Tabela obliczeń jest drukowana w drukarce domyślnej.

#### Zapisanie tabeli obliczeń dla Master Mix-u w pliku PDF

- ▶ Zmienić domyślną drukarkę na sterownik PDF i kliknąć Print (Drukuj) w Master Mix Calculator (Kalkulator dla Master Mix-u)

#### Usunięcie genów docelowych

- ▶ Wybrać gen docelowy z listy rozwijanej genów docelowych i kliknąć Remove (Usuń).

**Ważne:** Usunięcie genu docelowego z listy genów docelowych powoduje usunięcie go z wszelkich obliczeń dla Master Mix-u, w jakich jest on używany. Należy zachować ostrożność podczas usuwania celu.

## Kalibrowanie nowych barwników

Systemy CFX Opus 96 Dx i CFX Opus Deepwell Dx są fabrycznie skalibrowane dla często stosowanych fluoroforów w płytkach z białymi lub przezroczystymi studzienkami. Systemy The CFX Opus 384 Dx są fabrycznie kalibrowane dla powszechnie stosowanych fluoroforów tylko w płytkach z białymi studzienkami. [Tabela 6](#) zawiera listę fluoroforów i kanałów, dla których skalibrowany jest każdy aparat.

**Uwaga:** Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx posiadają również kanał dedykowany dla chemii FRET. Ten kanał nie wymaga kalibrowania na potrzeby konkretnych barwników.

**Ważne:** W przypadku przeprowadzenia zdefiniowanej przez użytkownika kalibracji barwnika, który został skalibrowany fabrycznie, aparat zastosuje kalibrację zdefiniowaną przez użytkownika zamiast kalibracji fabrycznej.

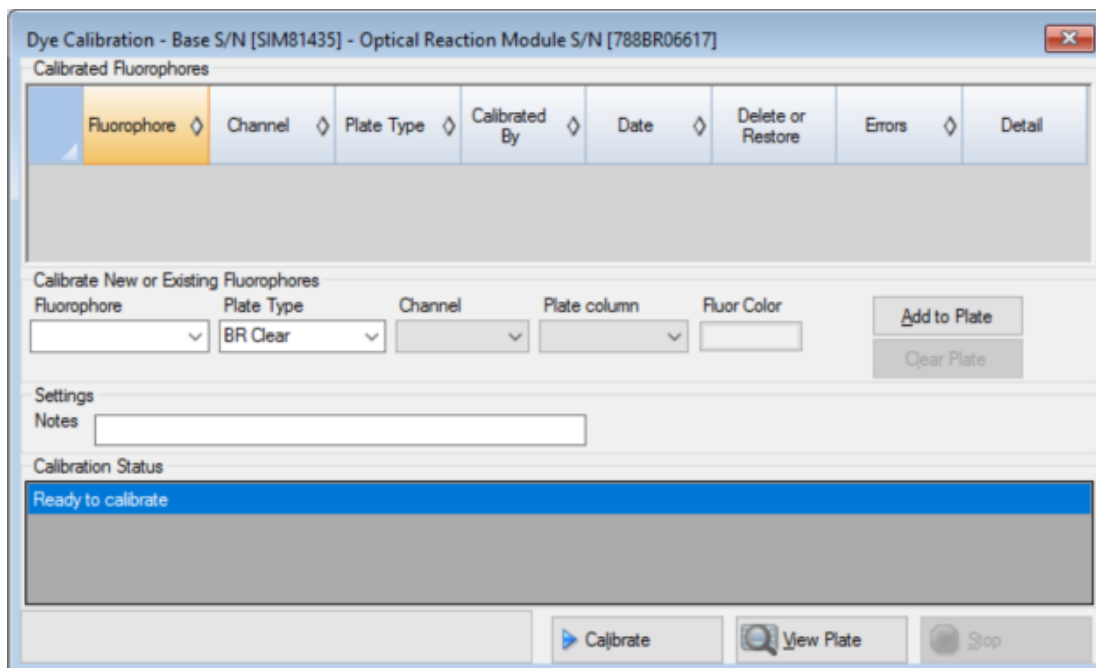
**Tabela 6. Fabrycznie kalibrowane fluorofory, kanały i aparaty**

Fluorofory	Kanał	Wzbudzenie, nm	Detekcja, nm	Aparat
FAM, SYBR® Green I	1	450–490	515–530	Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx
VIC, HEX, CAL Fluor Gold 540, Cal Fluor Orange 560	2	515–535	560–580	Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx
ROX, Texas Red, CAL Fluor Red 610, TEX 615	3	560–590	610–650	Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx

<b>Fluorofory</b>	<b>Kanał</b>	<b>Wzbudzenie, nm</b>	<b>Detekcja, nm</b>	<b>Aparat</b>
Cy5, Quasar 670	4	620–650	675–690	Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx
Quasar 705, Cy5.5	5	672–684	705–730	Tylko systemy CFX Opus 96 Dx
<b>FRET Chemistry (nie kalibrowane fabrycznie)</b>				
Kolor skalibrowany niefabrycznie	FRET	450–490	560–580	Systemy CFX Opus 96 Dx, CFX Opus 384 Dx i CFX Opus Deepwell Dx

## Kalibracja nowych barwników dla systemów CFX

1. Wybrać docelowy aparat w panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) w oknie Home (Strona główna).
2. Wybrać opcje Tools (Narzędzia) > Calibration Wizard (Kreator kalibracji), aby otworzyć kreator Dye Calibration wizard (Kreator kalibracji barwników).



Fluorofory wcześniej skalibrowane dla docelowego aparatu są wyświetlane w tabeli Calibrated Fluorophores (Fluorofory skalibrowane).

3. Wybrać fluorofor do kalibracji z listy rozwijanej w części Calibrate New or Existing Fluorophores (Kalibruj nowe lub istniejące fluorofory).

Jeśli na liście nie ma nazwy fluoroforu, wpisać jego nazwę w polu tekstowym i dodać do listy.

**Ważne:** Należy zachować ostrożność podczas nazywania niestandardowych skalibrowanych fluoroforów. W przypadku utworzenia niestandardowej kalibracji barwnika dla fluoroforu o takiej samej nazwie jak fabrycznie skalibrowany fluorofor, niestandardowy fluorofor (a nie fabrycznie skalibrowany fluorofor) będzie używany przez urządzenie podczas analizy.

4. Wybrać typ płytki (Plate type) dla fluoroforu.

Jeśli na liście nie ma typu płytki, wpisać nazwę w polu tekstowym i dodać do listy.

5. Wybrać kanał (Channel) dla fluoroforu.

6. Wybrać kolumnę płytki (Plate column) dla fluoroforu.
7. (Opcjonalnie) Określić kolor powiązany z fluoroforem.
8. Aby dodać fluorofor, kliknąć Add to Plate (Dodaj do płytki).
9. (Opcjonalnie) Powtórzyć kroki 3–8, aby dodać każdy fluorofor, który ma być skalibrowany dla danej płytki.
10. Po zakończeniu dodawania fluoroforów kliknąć View Plate (Pokaż płytkę), aby otworzyć okno Pure Dye Plate Display (Widok płytki z czystymi barwnikami).  
Użyć tego okna jako instrukcji wprowadzania barwników do płytki.
11. Na potrzeby kalibracji barwników przygotować płytkę z 96, 384 lub głębokimi studzienkami:
  - a. Przenieść pipetą roztwór barwnika do każdej studzienki zgodnie z wzorcem pokazanym w oknie Pure Dye Plate Display (Widok płytki z czystymi barwnikami).
  - b. W przypadku każdego fluoroforu wypełnić cztery studzienki roztworem barwnika o stężeniu 300 nM w ilości 50 µl (płytką z 96 studzienkami lub głęboką) lub 30 µl (płytką z 384 studzienkami). Zadbaj, by co najmniej połowa płytki zawierała studzienki stanowiące próbę ślepą.
  - c. Uszczelnić płytkę za pomocą metody uszczelniania, która będzie stosowana podczas eksperymentu.
12. Umieścić płytkę kalibracyjną w bloku i zamknąć pokrywę.
13. W kreatorze Dye Calibration wizard (Kreator kalibracji barwników) kliknąć Calibrate (Kalibruj) a następnie OK, aby potwierdzić, że płytka znajduje się w bloku.
14. Gdy Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security zakończy kalibrację, zostanie wyświetlone okno dialogowe. Kliknąć Yes (Tak), aby zakończyć kalibrację i otworzyć Dye Calibration Viewer (Przeglądarka kalibracji barwników).
15. Kliknąć OK, aby zamknąć okno.

## Ustawianie preferencji użytkownika

**Wskazówka:** Wykonywanie tych czynności nie jest wymagane w celu korzystania z oprogramowania CFX Maestro Dx SE. Tę sekcję można pominąć lub te czynności można wykonać w dowolnym czasie.

W CFX Maestro Dx SE, każdy użytkownik może dostosować swoje środowisko pracy. Na przykład w menu Users (Użytkownicy) > User Preferences (Preferencje użytkownika) można wykonać następujące czynności:

- Skonfigurować powiadomienie e-mail z informacją o ukończeniu analizy.

**Uwaga:** Ta funkcja jest dostępna tylko dla użytkowników, którym nadano to uprawnienie. Aby uzyskać więcej informacji, patrz [Zarządzanie rolami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security na stronie 48](#).

- Zmienić ustawienia domyślne dotyczące
  - Lokalizacji, w której zapisywane są pliki
  - Plików konfiguracji analizy
  - Przedrostka nazw plików
- Skonfigurować parametry domyślne, które będą używane podczas tworzenia nowego protokołu i płytki.
- Skonfigurować domyślne parametry dla analizy danych i ekspresji genów.
- Dostosować domyślne protokoły kontroli jakości.
- Dostosować parametry eksportu danych.

W menu Tools (Narzędzia) można wykonać następujące czynności:

- Utworzyć Master Mix.
- Skalibrować barwniki dla konkretnego aparatu.

**Uwaga:** Kalibracja Master Mix-u i barwników są dostępne dla każdego, kto zaloguje się do oprogramowania.

W tym rozdziale szczegółowo objaśniono wykonywanie tych zadań.

## Konfigurowanie powiadomień pocztą e-mail

Można podłączyć oprogramowanie CFX Maestro Dx SE do serwera poczty wychodzącej, aby wysyłać do użytkowników z listy powiadomienia e-mail o zakończeniu analizy próbek. Można też zdecydować o załączeniu pliku danych i raportu z analizy dla użytkowników z listy. Instrukcję konfiguracji połączenia między oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE a serwerem SMTP zamieszczono w rozdziale [Podłączanie wersji Security do serwera SMTP na stronie 89](#).

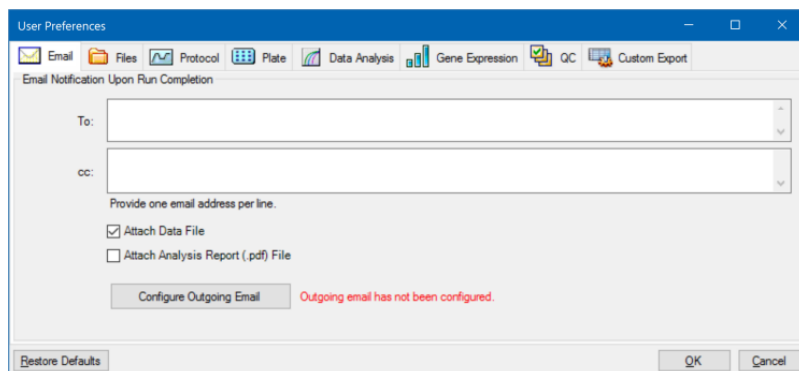
**Uwaga:** Możliwość dostępu do funkcji ustawień e-mail przez użytkownika zależy od jego roli i uprawnień nadanych przez administratora. Szczegóły zarządzania użytkownikami i ich rolami przedstawiono w rozdziale [Zarządzanie rolami użytkowników produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security na stronie 48](#).



## Ustawienie powiadomień pocztą e-mail

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika) z widoczną zakładką Email.



**Uwaga:** Jeśli system wykryje, że nie skonfigurowano właściwego serwera SMTP na potrzeby oprogramowania CFX Maestro Dx SE, zostanie wyświetlona odpowiednia informacja. Kliknąć **Configure Outgoing Email** (Konfiguruj wychodzącą pocztę e-mail), aby otworzyć okno dialogowe **Options** (Opcje) i skonfigurować serwer poczty e-mail SMTP. Więcej informacji można znaleźć w rozdziale [Podłączanie wersji Security do serwera SMTP na stronie 89](#).

2. W polu tekstowym **To** (Do) wpisać adresy e-mail wszystkich osób, które mają być informowane o zakończeniu analizy próbek. Wszyscy odbiorcy otrzymają wiadomość e-mail po zakończeniu analizy próbek.

**Uwaga:** Każdy adres e-mail musi być wprowadzony w osobnej linii. Po wpisaniu każdego adresu nacisnąć **Enter** lub **Return**.

3. (Opcjonalnie) W polu **cc** (Do wiadomości) wpisać adresy e-mail wszystkich odbiorców, do których ma być wysłana kopia każdego powiadomienia e-mail.
4. (Opcjonalnie) Domyślnie wszyscy odbiorcy otrzymują w załączniku kopię pliku danych. Jeśli kopia pliku danych ma nie być załączana, usunąć zaznaczenie pola wyboru **Attach Data File** (Załącz plik danych).
5. (Opcjonalnie) Zaznaczyć **Attach Analysis Report** (Załącz raport z analizy), aby załączyć do wiadomości e-mail plik PDF z raportem z analizy danych.
6. Kliknąć **OK**, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe **User Preferences** (Preferencje użytkownika).

**Uwaga:** W zależności od operatora można skonfigurować system tak, by wysyłał powiadomienia pocztą elektroniczną na telefon komórkowy. Aby uzyskać szczegółowe informacje na temat adresu e-mail dla swojego telefonu komórkowego, należy skontaktować się z operatorem telefonii komórkowej. Wprowadź adres e-mail swojego telefonu (na przykład 5552221234@domena\_operatora\_telefonii\_komorkowej.net) w polu tekstowym To (Do) na ekranie User Preferences (Preferencje użytkownika).

### Edycja adresu e-mail odbiorcy

- ▶ Zmodyfikować adres e-mail zgodnie z potrzebami i kliknąć OK.

### Usunięcie odbiorcy wiadomości e-mail

1. Wybrać odbiorcę wiadomości e-mail i nacisnąć klawisz Delete.
2. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

### Podłączanie wersji Security do serwera SMTP

**Ważne:** Niektórzy komercyjni dostawcy usług poczty internetowej zwiększyli bezpieczeństwo poczty e-mail. W przypadku korzystania z takiego konta należy włączyć ustawienie **Allow less secure apps** (Zezwalaj na mniej bezpieczne aplikacje) w ustawieniach konta, aby pozwolić programowi CFX Maestro Dx SE na wysyłanie wiadomości e-mail. Więcej informacji można uzyskać z opisu zabezpieczeń stosowanych przez dostawcę usług poczty internetowej.

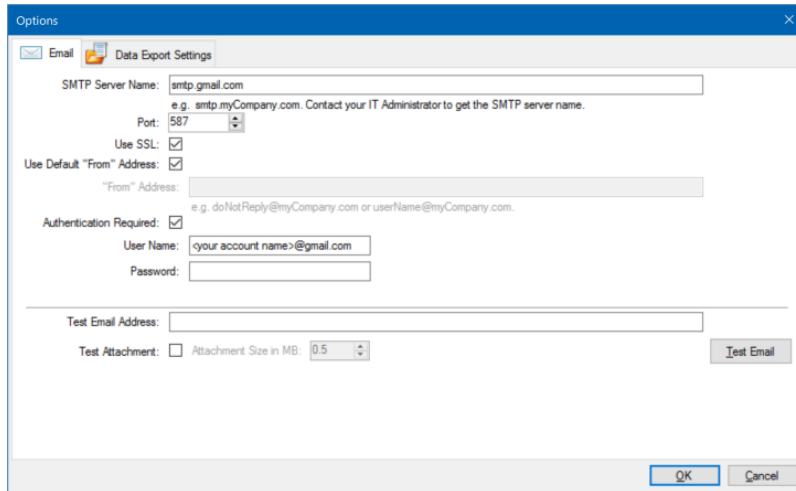
Jeśli do wysyłania wiadomości e-mail używasz serwera SMTP Google Gmail lub Microsoft Office 365, musisz włączyć weryfikację dwuskładnikową i wygenerować „Hasło aplikacji” w ustawieniach konta Gmail lub Office365. W celu uwierzytelnienia w oknie dialogowym Maestro Email Setup skopiuj i wklej „Hasło aplikacji” w polu Password (Hasło) zamiast zwykłego hasła e-mail.

Aby umożliwić programowi CFX Maestro Dx SE wysyłanie powiadomień e-mail, należy nawiązać połączenie z tego programu do serwera poczty e-mail.

### Aby nawiązać połączenie z programu CFX Maestro Dx SE do serwera poczty e-mail

1. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Wybrać opcje User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika) i kliknąć opcję Configure Outgoing Email (Konfiguruj wychodzącą pocztę e-mail) na zakładce Email (Poczta e-mail).
  - Wybrać Tools (Narzędzia) > Options (Opcje).

Wyświetlone zostanie okno dialogowe Options (Opcje), w którym widoczna będzie zakładka Email (Poczta e-mail).



2. Wprowadzić następujące informacje dotyczące firmy, która jest nabywcą systemu:

- **SMTP Server Name** (Nazwa serwera SMTP) — nazwa serwera poczty wychodzącej w firmie.
- **Port** (Port) — numer portu serwera SMTP. Zwykle jest to 25.
- **Use SSL** (Używaj protokołu SSL) — opcja, która pozwala na stosowanie protokołu Secure Sockets Layer (SSL). Niektóre serwery SMTP wymagają tego ustawienia. Jeśli to ustawienie nie jest w firmie wymagane, wówczas należy usunąć zaznaczenie tego pola wyboru.
- **Use Default "From" Address** (Używaj domyślnego adresu „Od”) — nazwa serwera poczty e-mail w firmie. Niektóre serwery SMTP wymagają, aby wszystkie wysłane wiadomości e-mail miały adres „Od” odpowiadający konkretnej domenie, na przykład nazwa@TwojaFirma.com. Jeżeli tak jest, należy usunąć zaznaczenie tego pola wyboru i podać poprawny adres e-mail.
- **Authentication Required** (Wymagane uwierzytelnianie) — jeśli w konkretnej placówce wymagane jest uwierzytelnianie konta, wówczas należy upewnić się, że to pole wyboru jest zaznaczone.
- **User Name** (Nazwa użytkownika) — nazwa uwierzytelnionego konta. Ta nazwa jest wymagana tylko wtedy, gdy zaznaczone jest pole Authentication Required (Wymagane uwierzytelnianie).

- **Password** (Hasło) — hasło dla uwierzytelnionego konta. Ta nazwa jest wymagana tylko wtedy, gdy zaznaczone jest pole Authentication Required (Wymagane uwierzytelnianie).

**Ważne:** Jeśli do wysyłania wiadomości e-mail używasz serwera SMTP Google Gmail lub Microsoft Office 365, musisz włączyć weryfikację dwuskładnikową i wygenerować „Hasło aplikacji” w ustawieniach konta Gmail lub Office365. W celu uwierzytelnienia w oknie dialogowym Maestro Email Setup skopiuj i wklej „Hasło aplikacji” w polu Password (Hasło) CFX Maestro Dx SE zamiast zwykłego hasła e-mail.

Aby sprawdzić, czy ustawienia serwera SMTP są poprawne, należy wprowadzić ważny adres e-mail do pola tekstowego Test Email Address (Testuj adres e-mail) i kliknąć opcję Test Email (Testowa wiadomość e-mail).

**Uwaga:** Niektóre serwery SMTP nie zezwalają na przesyłanie załączników, a inne pozwalają na załączniki, których rozmiar nie przekracza konkretnej wartości. Jeśli planowane jest wysyłanie pocztą e-mail plików danych i/lub raportów za pomocą programu CFX Maestro Dx SE, wówczas należy wybrać opcję Test Attachment (Testuj załącznik) i ustawić dla opcji Attachment Size in MB (Rozmiar załącznika w MB) najmniej 5 megabajtów (MB).

3. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

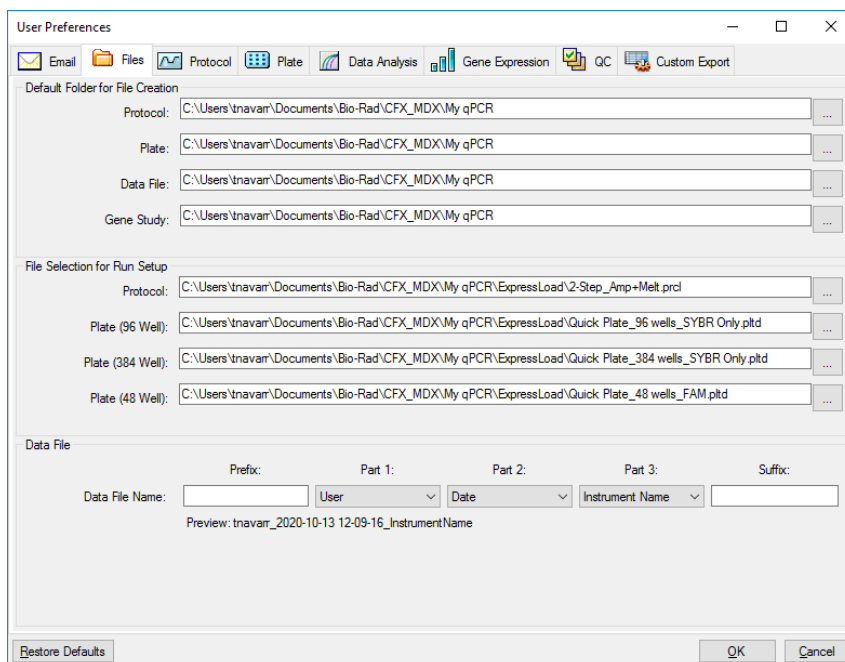
## Zmiana ustawień pliku domyślnego

Na zakładce Files (Pliki) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) można zmienić

- Domyślną lokalizację, w której zapisywane będą pliki oprogramowania CFX Maestro Dx SE
- Domyślne pliki konfiguracji analizy
- Domyślne parametry nazewnictwa plików

### Aby zmienić domyślne ustawienia plików

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę Files (Pliki).



3. W sekcji Default Folder for File Creation (Domyślny folder na tworzone pliki) należy przejść do folderu i wybrać folder domyślny, w którym zapisywane będą nowe pliki. Można wybrać inną lokalizację dla każdego typu pliku:
  - Protocol (Protokół)
  - Plate (Płytką)
  - Data File (Plik danych)
  - Gene study (Badanie genów)
4. W sekcji File Selection for Run Setup (Wybór pliku dla konfiguracji analizy) przejść do protokołu i wybrać domyślny protokół oraz pliki płytek, które będą wyświetlane po otwarciu okna Experiment Setup (Konfiguracja eksperymentu).
5. W sekcji Data File (Plik danych) zdefiniować prefiks i/lub sufiks dla plików danych. Dla dowolnej części należy wybrać nową wartość z odpowiedniej listy rozwijanej. W polach tekstowych Prefix (Prefiks) i Suffix (Sufiks) można również podać niestandardową wartość prefiksu i sufiksu.

Poniżej pól wyboru w oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE pojawi się podgląd nazwy pliku.
6. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

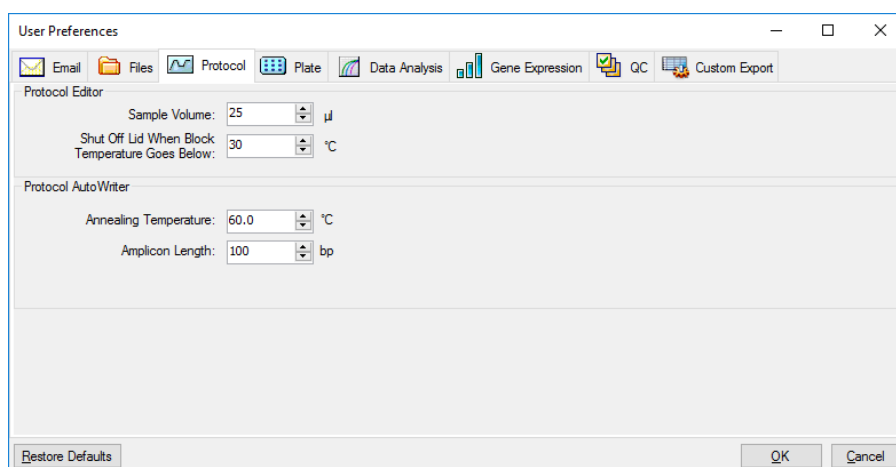
**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich

zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

## Ustawianie domyślnych parametrów protokołu

### Ustawienie domyślnych parametrów protokołu na potrzeby funkcji Protocol Editor (Edytor protokołu) i Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu)

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę Protocol (Protokół).



3. W części Protocol Editor (Edytor protokołu) podać wartości dla poniższych ustawień, które są wyświetlane w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu):
  - **Sample volume** (Objętość próbki) — objętość każdej próbki w studzienkach (w µl).
  - **Lid Shutoff temperature** (Temperatura odcięcia dla pokrywy) — temperatura (w °C), przy której element grzejny pokrywy wyłącza się podczas analizy próbek.
4. W części Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) podać wartości dla poniższych ustawień, które są wyświetlane w oknie Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu):
  - **Annealing temperature** (Temperatura annealingu) — temperatura (w °C) na potrzeby eksperymentów wykorzystujących polimerazę DNA iProof, polimerazę DNA iTaq lub inne polimerazy.
  - **Amplicon length** (Długość amplikonu) — długość amplikonu (w bp).
5. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

## Ustawianie domyślnych parametrów płytki

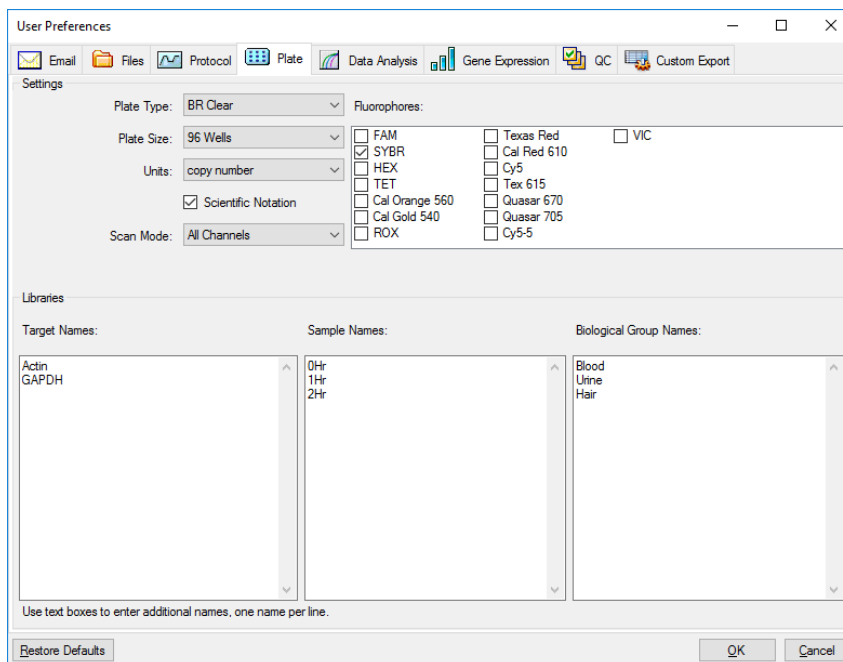
Zmiany wprowadzane w zakładce Plate (Płytki) są dostępne dla wszystkich użytkowników oprogramowania. Zmiany wprowadzane podczas konfigurowania płytki są dostępne dla użytkowników po zapisaniu i zamknięciu pliku płytki.

W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) można wykonać następujące czynności:

- ustawić domyślne parametry płytki;
- dodać nowe nazwy genów docelowych, próbek i grup biologicznych do odpowiednich bibliotek;
- usunąć nazwy genów docelowych, próbek i grup biologicznych z odpowiednich bibliotek.

## Ustawienie domyślnych parametrów płytki

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę Plate (Płytki).



3. Określić wartości dla następujących ustawień w przypadku nowego pliku płytki. Te wartości są wyświetlane w oknie Plate Editor (Edytor płytki):

- **Plate type (Typ płytki),**
- **Plate size (Wielkość płytki),**
- **Units (Jednostki)** — stężenie startowej matrycy dla studzienek zawierających wzorce.  
CFX Maestro Dx SE wykorzystuje te jednostki do tworzenia krzywej wzorcowej w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) w oknie Data Analysis (Analiza danych).
- **Scientific notation (Notacja naukowa)** — po wybraniu tej opcji oprogramowanie CFX Maestro Dx SE wyświetla jednostki stężenia w notacji naukowej.
- **Scan mode (Tryb skanu)** — liczba lub typ kanałów do przeskanowania podczas analizy próbek.
- **Fluorophores (Fluorofory)** — domyślne fluorofory wyświetlane w elementach kontroli ładowania w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
- **Libraries (Biblioteki)** — nazwy genów docelowych, próbek i grup biologicznych, które są zazwyczaj stosowane w eksperymentach:
  - **Target names (Nazwy genów docelowych)** — nazwy docelowych genów i sekwencji.
  - **Sample names (Nazwy próbek)** — nazwy próbek eksperymentalnych lub nazwy określające właściwości dla próbek (np. Mysz1, Mysz2, Mysz3).
  - **Biological group names (Nazwy grup biologicznych)** — nazwy grup podobnych próbek, które mają taki sam stan lub warunki przetwarzania (np. 0Hr, 1Hr, 2Hr).

4. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

#### **Aby dodać nową nazwę genu docelowego, próbki lub grupy biologicznej**

- ▶ W polu odpowiedniej biblioteki wpisać nazwę genu docelowego, próbki lub grupy biologicznej i kliknąć OK.

#### **Aby usunąć nazwę genu docelowego, próbki lub grupy biologicznej**

- ▶ W polu odpowiedniej biblioteki wybrać nazwę, nacisnąć klawisz Delete i kliknąć OK.

**Ważne:** Nazwy, które są usuwane z biblioteki, są też usuwane z oprogramowania i nie są już dostępne dla użytkowników. Aby przywrócić domyślne nazwy w oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE, kliknąć Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne). Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich zakładkach do pierwotnych ustawień

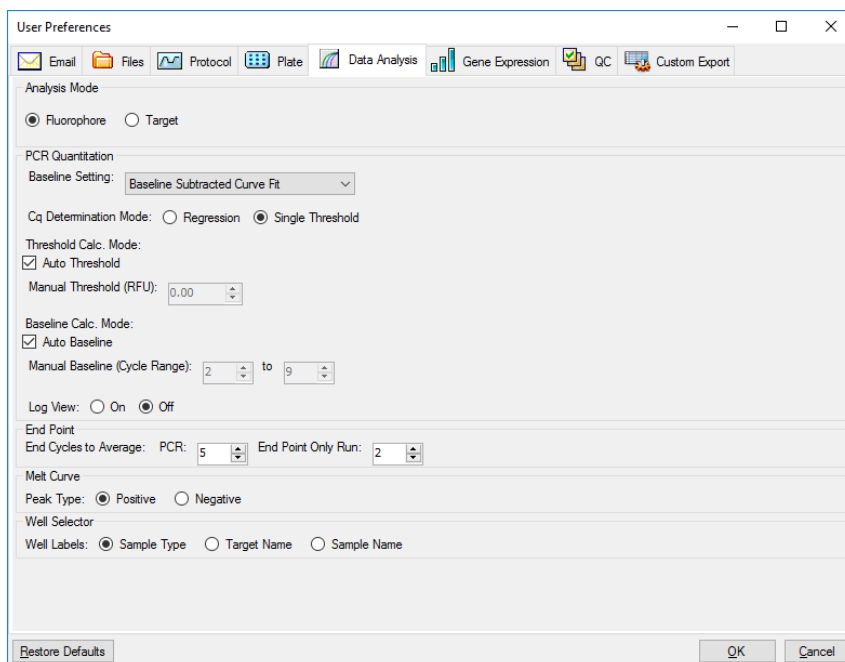


fabrycznych. Zachować ostrożność podczas usuwania domyślnych nazw CFX Maestro Dx SE i klikania tego przycisku.

## Ustawianie domyślnych parametrów analizy danych

### Aby ustawić domyślne parametry analizy danych

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę Data Analysis (Analiza danych).



3. W sekcji Analysis Mode (Tryb analizy) wybrać tryb, w którym dane będą analizowane (Fluorophore (Fluorofor) lub Target (Gen docelowy)).
4. W sekcji PCR Quantitation (Analiza ilościowa PCR) ustawić parametry domyślne dla następujących opcji:

- **Baseline Setting** (Ustawienie wartości bazowej) — metoda bazowa dla trybu analizy.
- **Cq Determination Mode** (Tryb wyznaczania C<sub>q</sub>) — tryb, w którym wartości C<sub>q</sub> są wyliczane dla każdej krzywej fluorescencji (krzywa regresji lub z pojedynczą wartością progową).
- **Threshold Calc. Mode** (Tryb obliczania progu) — ilość genu docelowego w punkcie końcowym.

Ustawieniem domyślnym jest Auto (Automatycznie). Oznacza to, że oprogramowanie automatycznie oblicza wartość docelową dla punktu końcowego. W celu ustawienia konkretnej wartości progowej należy usunąć zaznaczenie pola wyboru Auto (Automatycznie) i wprowadzić

ilość w punkcie końcowym, które musi być wyliczona we względnych jednostkach fluorescencji (RFU). Wartość maksymalna wynosi 65000,00 RFU. W plikach danych dla kolejnych analiz stosowane będzie to ustawienie wartości progowej.

- **Baseline Calc. Mode** (Tryb obliczenia wartości bazowej) — wartość bazowa dla wszystkich krzywych.

Ustawieniem domyślnym jest Auto (Automatycznie). Oznacza to, że oprogramowanie automatycznie oblicza wartość bazową dla wszystkich krzywych. W celu ustawienia konkretnej wartości bazowej należy usunąć zaznaczenie pola wyboru Auto (Automatycznie) i wprowadzić wartości minimum oraz maksimum dla zakresu cyklu (od 1 do 9999). W plikach danych dla kolejnych analiz stosowany będzie ten zakres cyklu.

- **Log View** (Widok rejestracji) — określa sposób, w jaki oprogramowanie wyświetla dane amplifikacji:
  - On** (Wł.) — dane amplifikacji są wyświetlane na wykresie półlogarytmicznym.
  - Off** (Wył.) — (ustawienie domyślne) dane amplifikacji są wyświetlane na wykresie liniowym.

5. W sekcji End Point (Punkt końcowy) wybrać liczbę cykli końcowych do uśrednienia podczas przeprowadzania obliczeń punktu końcowego:
  - **PCR** — liczba cykli końcowych do uśrednienia dla danych analizy ilościowej (domyślnie 5).
  - **End Point Only run** (Analiza wyłącznie punktu końcowego) — liczba cykli końcowych do uśrednienia dla danych punktu końcowego (domyślnie 2).
6. W sekcji Melt Curve (Krzywa topnienia) wybrać typ pików do wykrycia (dodatni lub ujemny).
7. W sekcji Well Selector (Selektor studzienek) wybrać sposób wyświetlania etykiet studzienek (wg typu próbki, nazwy genu docelowego lub nazwy próbki).
8. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

## Ustawianie domyślnych parametrów pliku danych dotyczących ekspresji genu

### Ustawienie domyślnych parametrów na potrzeby nowego pliku danych dotyczących ekspresji genu

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę Gene Expression (Ekspresja genu).
3. Określić wartości dla następujących ustawień:
  - **Relative to** (Względem) — dane ekspresji genu są przedstawiane na wykresie względem próbki kontrolnej (z początkiem w punkcie 1) lub zera:
    - **Zero** — oprogramowanie ignoruje próbkę kontrolną. Jest to ustawienie domyślne, gdy w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) nie przypisano żadnej próbki kontrolnej.
    - **Control** (Kontrola) — oprogramowanie oblicza dane względem próbki kontrolnej przypisanej w oknie Experiment Setup (Konfiguracja eksperymentu).
  - **X-axis** (Oś X) — na osi X przedstawiana jest próbka (Sample) lub gen docelowy (Target).
  - **Y-axis** (Oś Y) — na osi Y stosowana jest skala liniowa (Linear), log2 lub log10.
  - **Scaling** (Skalowanie) — opcja skalowania wykresu (domyślną opcją jest Unscaled (Bez skalowania)):
    - **Highest** (Wartość najwyższa) — program skaluje wykres do najwyższego punktu danych.
    - **Lowest** (Wartość najniższa) — program skaluje wykres do najniższego punktu danych.
    - **Unscaled** (Bez skalowania) — oprogramowanie prezentuje na wykresie nieprzeskalowane dane.
  - **Mode** (Tryb) — tryb analizy danych: albo ilość względna ( $\Delta C_q$ ), albo znormalizowana wartość ekspresji ( $\Delta\Delta C_q$ ).
  - **Error Bar** (Słupki błędów) — zmienność danych przedstawiana jako odchylenie standardowe (Std. Dev.) lub błąd standardowy średniej (Std. Error Mean).
  - **Error Bar Multiplier** (Mnożnik słupka błędów) — mnożnik odchylenia standardowego stosowany do kreślenia słupków błędów (wartość domyślna: 1).

Można zwiększyć mnożnik do 2 lub 3.

- **Sample Types to Exclude** (Typy próbek do wykluczenia) — typy próbek, jakie mają być wykluczone z analizy.

Można wybrać wykluczenie z analizy jednej lub większej liczby próbek. Aby wykluczyć wszystkie typy próbek, wyczyścić pola wyboru wszelkich wybranych typów próbek.

4. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

### Dostosowywanie zasad kontroli jakości

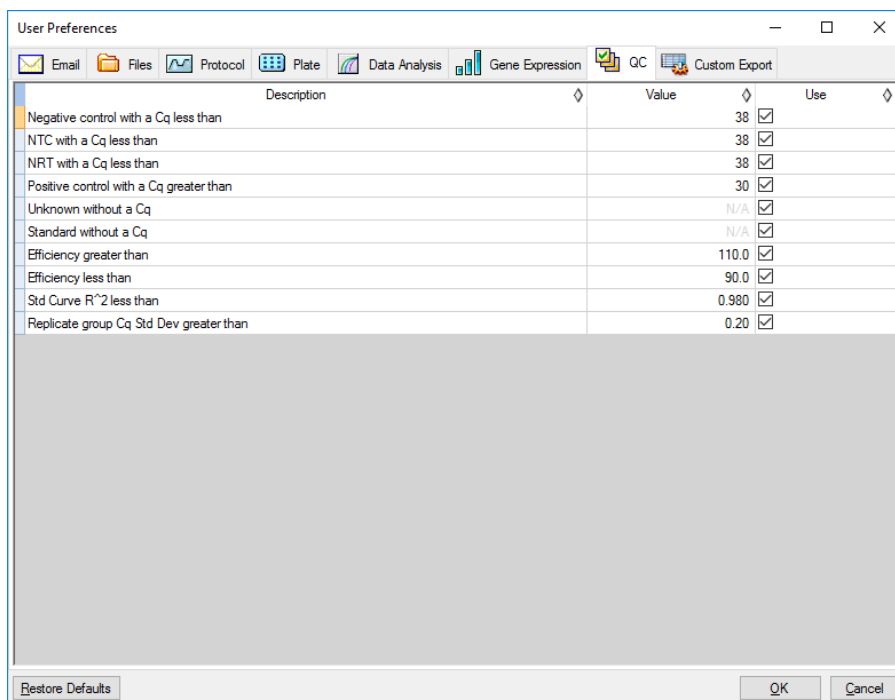
W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE można ustawić zasady kontroli jakości stosowane do danych w oknie Data Analysis (Analiza danych). Program sprawdza dane w odniesieniu do skonfigurowanych zasad.

**Uwaga:** Domyślnie włączone są wszystkie zasady kontroli jakości.

**Wskazówka:** Studzienki, które nie spełniły danego parametru QC (Kontrola jakości), mogą być wykluczone z analizy w module QC (Kontrola jakości) w oknie Data Analysis (Analiza danych).

### Dostosowanie zasad kontroli jakości

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę QC (Kontrola jakości).



Gdzie:

- **NTC** — kontrola bez matrycy;
- **NRT** — kontrola bez materiału badanego przy odwrotnej transkrypcji;
- **Efficiency** (Wydajność) — wydajność reakcji;
- **Std Curve R<sup>2</sup>** (R<sup>2</sup> dla krzywej wzorc.) — wartość R-kwadrat dla krzywej wzorcowej;
- **Replicate group Cq Std Dev** (Odch. stand. Cq dla grup replikatów) — odchylenie standardowe obliczane dla każdej grupy replikatów.

3. Dla każdej zasady QC (kontrola jakości) wykonać jedną z następujących czynności:

- Aby użyć wartości domyślnej, nie trzeba nic robić.
- Aby zmienić jej wartość, kliknąć pole tekstowe Value (Wartość), wpisać nową wartość i nacisnąć klawisz Enter.
- Aby wyłączyć zasadę, usunąć zaznaczenie pola wyboru Use (Zastosuj).

4. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich

zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

### Dostosowywanie parametrów eksportu danych

Dane z programu CFX Maestro Dx SE można eksportować w następujących formatach:

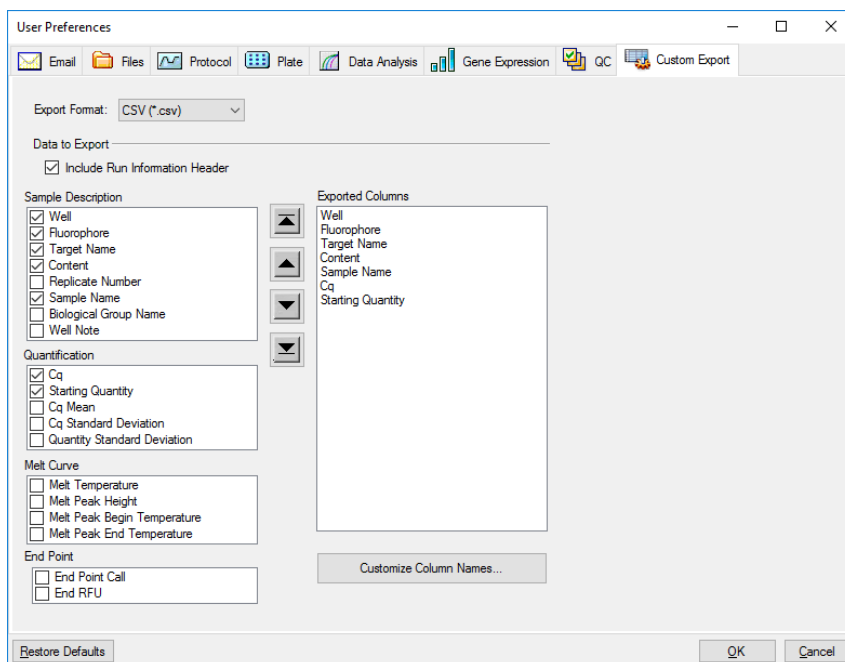
- Tekstowy (.txt),
- CSV (.csv),
- Excel (.xls, .xlsx)
- XML (.xml),
- HTML (.html).

**Ważne:** Abyś mógł eksportować dane do arkusza kalkulacyjnego Microsoft Excel, na Twoim komputerze musi być zainstalowany program Microsoft Excel.

Możliwe jest określenie typu danych do wyeksportowania i dostosowanie eksportowanych danych.

#### Aby dostosować parametry eksportu danych

1. Wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika), aby otworzyć okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika).
2. W oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) wybrać zakładkę Custom Export (Eksport niestandardowy).



3. Z listy rozwijanej Export Format (Format eksportu) wybrać format, w którym dane zostaną wyeksportowane.
4. W sekcji Data to Export (Dane do eksportu) zaznaczyć lub usunąć zaznaczenie pól wyboru dla typu danych przeznaczonego do eksportowania. Wybrane elementy pojawią się w polu listy Exported Columns (Eksportowane kolumny).

**Uwaga:** Domyślnie informacje o analizie są zawarte w nagłówku. Jeśli informacje na temat analizy nie mają być uwzględniane, należy usunąć zaznaczenie odpowiedniego pola wyboru.

5. Kolejność wyświetlania wybranych elementów na wyjściu można zmienić.

W polu listy Exported Columns (Eksportowane kolumny) należy zaznaczyć element, a następnie klikać przyciski ze strzałkami, aby przesuwać elementy w górę lub w dół listy.

6. Opcjonalnie można zmienić na wyjściu nazwy kolumn wybranych elementów:

- a. Kliknąć opcję Customize Column Names (Dostosuj nazwy kolumn).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Column Name Customizer (Narzędzie dostosowywania nazw kolumn).

- b. Dla każdej domyślnej nazwy kolumny, która ma zostać zmieniona, należy wpisać nową nazwę w odpowiednie pole Custom Name (Nazwa niestandardowa).



c. Wykonaj jedną z następujących czynności:

- Kliknąć przycisk OK, aby zapisać zmiany i powrócić do zakładki Custom Export (Eksport niestandardowy). Nowa nazwa pojawi się w nawiasach obok domyślnej nazwy kolumny w polu listy Exported Columns (Eksportowane kolumny).
- Aby usunąć zmiany i wrócić do zakładki Custom Export (Eksport niestandardowy), należy kliknąć przycisk Cancel (Anuluj).

7. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe.

**Ważne:** Kliknięcie opcji Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) powoduje zresetowanie wszystkich preferencji na wszystkich zakładkach do pierwotnych ustawień fabrycznych. Zachować ostrożność podczas klikania tego przycisku.

## Rozdział 7 Tworzenie protokołów

Protokół jest listą etapów wykonywanych w określonej kolejności. W produkcie Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security wszystkie etapy są powiązane z opcjami w aparacie, np. etapy zawierają wytyczne dla aparatu dotyczące kontrolowania temperatury bloku i pokrywy, zastosowania różnicy temperatury na przestrzeni bloku, wykonania odczytu płytki lub wykonania analizy krzywej topnienia. Każda opcja jest określana dla różnych typów płytek i analiz próbek.

W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE dostępne są dwie opcje tworzenia protokołów: Protocol Editor (Edytor protokołów) oraz Protocol AutoWriter.

Protocol Editor (Edytor protokołu) udostępnia m.in. następujące funkcje:

- standardowe elementy kontroli nad protokołami w celu szybkiego tworzenia protokołów,
- możliwość szybkiego obliczenia gradientu dla wybranej liczby rzędów,
- możliwość szybkiego obliczenia czasu analizy próbek dla wybranego typu płytki,
- możliwość edytowania etapów protokołu,
- możliwość zapisywania protokołów do ponownego wykorzystania,
- możliwość wydrukowania protokołu w domyślnej drukarce.

Na podstawie parametrów podanych przez użytkownika Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) automatycznie generuje zindywidualizowany protokół PCR z etapami „hot start”, początkowej denaturacji, annealingu i wydłużania. Następnie można przejrzeć graficzną prezentację sugerowanego protokołu i wyedytować, uruchomić lub zapisać protokół.

## Parametry i zakresy kroków protokołu

Skorzystaj z informacji, jakie zawiera [Tabela 7](#), aby zmodyfikować domyślne ustawienia kroków w protokole.

### Kroki temperatury

Temperatura docelowa to wartość w zakresie 4–100°C, ustawiana co wartości dziesiętne stopnia. System nagrzewa się do tej temperatury i utrzymuje ją przez określony czas (czas utrzymania).

### Kroki gradientu

Zakres gradientu to różnica między dolną i górną temperaturą w kroku gradientu. Maksymalny dopuszczalny zakres to 24°C. Temperatura dolna to wartość w zakresie 30–99°C, ustawiana co wartości dziesiętne stopnia. Maksymalna temperatura górna wynosi 100°C. Termocykler nagrzewa się do docelowego gradientu temperatury w całym bloku i utrzymuje ją przez określony czas utrzymywania.

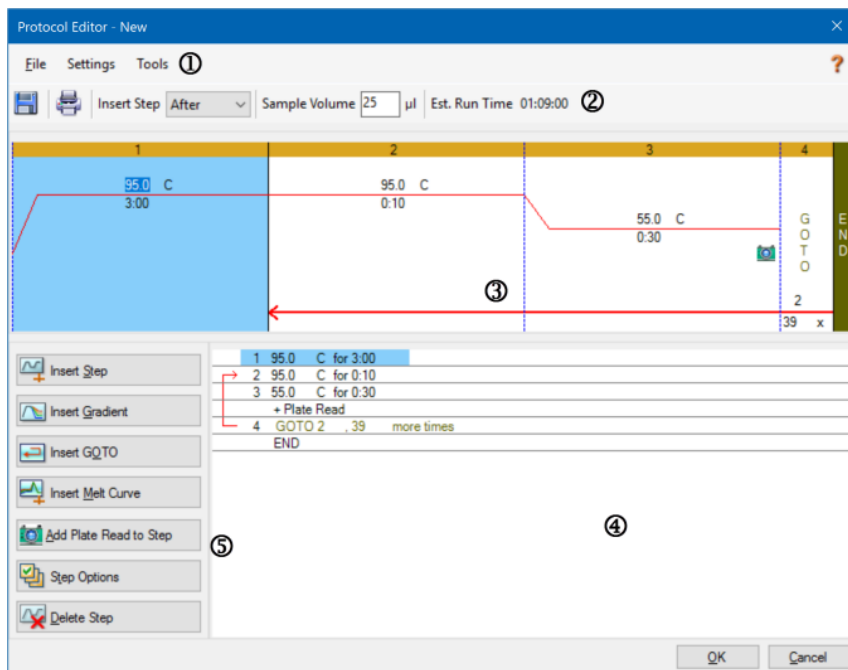
**Ważne:** Urządzenie oblicza wartość gradientu. Po wprowadzeniu wartości w górnym i dolnym polu kalkulatora gradientu oprogramowanie automatycznie oblicza i przypisuje temperatury do pozostałych pól. Po wprowadzeniu temperatury w dowolnym polu między polem górnym i dolnym urządzenie automatycznie obliczy pozostałe pola. Nie ma możliwości ręcznego wprowadzania wartości temperatury w każdym polu.

Tabela 7. Parametry i zakresy kroków protokołu

Parametr	Zakres	Opis
Ramp rate (Szybkość zmiany tempa)	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ W przypadku systemów CFX Opus 96 Dx: 0,1–5°C na s</li> <li>■ W przypadku systemów CFX Opus 384 Dx: 0,1–2,5°C na s</li> <li>■ W przypadku systemów CFX Opus Deepwell Dx: 0,1–2,5°C na s</li> </ul>	<p>Instruuje termocykler, aby osiągnął docelową temperaturę z określoną szybkością w tym kroku.</p> <p>Opcja dostępna tylko w przypadku kroków temperatury.</p>
Increment (Przyrost)	Liczba od –10 do 10°C na cykl w wartościach dziesiętnych stopnia	<p>Instruuje termocykler, aby zmienił docelową temperaturę kroku w każdym cyklu, gdzie liczba dodatnia zwiększa temperaturę, a liczba ujemna ją zmniejsza.</p> <p>Opcja dostępna tylko w przypadku kroków temperatury.</p>
Extend (Wydułuż)	Czas od –60 do 60 sekund na cykl	<p>Nakazuje termocyklerowi wydłużenie czasu utrzymania przy każdym cyklu. Liczba dodatnia wydłuża czas utrzymywania, a liczba ujemna go skraca.</p> <p>Opcja dostępna dla kroków temperatury i gradientu.</p>
Beep (Sygnał dźwiękowy)	(Brak parametrów)	<p>Nakazuje termocyklerowi wydanie sygnału dźwiękowego w celu zasygnalizowania, że osiągnął temperaturę docelową dla danego etapu.</p> <p>Opcja dostępna tylko w przypadku kroków temperatury.</p>
Plate read (Odczyt płytki)	(Brak parametrów)	<p>Nakazuje termocyklerowi dodanie odczytu płytki do wybranego kroku.</p> <p>Opcja dostępna dla kroków temperatury i gradientu.</p>

## Okno Protocol Editor (Edytor protokołu)

W oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) można tworzyć protokoły, a także otwierać, przeglądać i edytować protokoły. Domyślnie w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) wyświetlany jest ogólny protokół 2-etapowy analizy w czasie rzeczywistym przeznaczony dla płytki z 96 studzienkami.



### LEGENDA

1. Pasek menu zapewnia szybki dostęp do poleceń menu File (Plik), Settings (Ustawienia) i Tools (Narzędzia).

---

2. Pasek narzędzi zawiera szybki dostęp do opcji zapisu i drukowania protokołu. Umożliwia wybór miejsca wprowadzenia etapu, konfigurowanie objętości próbki, a także sprawdzanie szacowanego czasu pracy protokołu.

---

3. W panelu głównym wyświetlana jest graficzna reprezentacja protokołu.

---

4. W dolnym panelu widoczny jest konspekt protokołu.

---

5. W lewym panelu wyświetlane są elementy sterowania protokołem, których użytkownik może używać w celu dostosowywania protokołu.

## Polecenia menu File (Plik)

**Save** (Zapisz) — zapisuje bieżący protokół.

**Save As** (Zapisz jako) — zapisuje bieżący protokół z nową nazwą lub w nowej lokalizacji.

**File Passwords** (Hasła do plików) — umożliwia użytkownikom ustawienie haseł do zapisywania i otwierania plików.

**Wskazówka:** Aby uzyskać więcej informacji, zobacz [Ochrona hasłem plików na stronie 56](#).

**Close** (Zamknij) — zamyka okno Protocol Editor (Edytor protokołu).

## Polecenie menu Settings (Ustawienia)

**Lid Settings** (Ustawienia pokrywy) — służy do otwierania okna dialogowego Lid Settings (Ustawienia pokrywy), w którym można zmienić lub ustawić temperaturę pokrywy.

## Polecenia menu Tools (Narzędzia)

**Gradient Calculator** (Kalkulator gradientu) — umożliwia otwarcie okna dialogowego, w którym można wybrać typ bloku dla etapu gradientu. Domyślnie jest to 96 studzienek.

**Run time Calculator** (Kalkulator czasu analizy) — umożliwia otwarcie okna dialogowego, z którego można wybrać typ płytki i tryb skanowania celem obliczenia szacunkowego czasu analizy w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy). Domyślnie jest to 96 studzienek, wszystkie kanały.

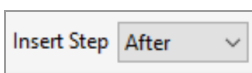
## Polecenia na pasku narzędzi



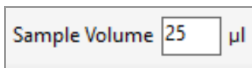
— służy do drukowania pliku bieżącego protokołu.



— służy do drukowania wybranego okna.



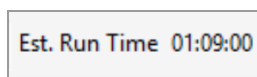
— za pomocą tego polecenia można wybrać miejsce wstawienia etapów względem etapu, który jest wybrany aktualnie.



— za pomocą tego polecenia można wprowadzić objętość próbki w  $\mu\text{l}$ . Objętości próbek różnią się w zależności od typu bloku:

- W przypadku bloku z 96 studzienkami dostępny jest zakres 0–50  $\mu\text{l}$ .

- W przypadku bloku z 384 studzienkami dostępny jest zakres 0–30 µl.
- W przypadku bloku z 96 studzienkami głębokimi dostępny jest zakres 0–125 µl.



— umożliwia wyświetlenie szacowanego czasu analizy na podstawie etapów protokołu, zmian tempa oraz typu wybranego bloku.



— służy do wyświetlania pomocy dotyczącej protokołów.

## Elementy kontroli nad edycją protokołu

Lewy panel okna Protocol Editor (Edytor protokołu) zawiera elementy sterujące, które służą do tworzenia protokołów.

Każdy element sterujący zawiera zestaw parametrów, które reprezentują etap w protokole. Każdy parametr można modyfikować, a poszczególne parametry można dodawać lub usuwać w celu dostosowania protokołu. W niniejszej sekcji opisano opcje dostępne w każdym elemencie sterującym.



- **Insert Step (Wstaw etap)** — wstawia etap przed wybranym etapem lub za nim. Wartości temperatury i czas wstrzymania można edytować w wyświetlaczu graficznym protokołu lub w konspekcie protokołu.
- **Insert Gradient (Wstaw gradient)** — umożliwia wstawienie etapu gradientu w oparciu o typ bloku studzienki wybrany w kalkulatorze gradientu. Zakres gradientu można edytować w panelu Gradient (Gradient), który pojawia się po wstawieniu etapu gradientu.
- **Insert GOTO (Wstaw GOTO)** — wstawia etap cyklu (pętli), który informuje oprogramowanie o konieczności powtórzenia konkretnych etapów przez określoną liczbę cykli. Powtarzanie rozpoczyna się po zakończeniu pierwszego cyklu. Można na przykład poinformować oprogramowanie, aby wykonało 39 powtórzeń etapów 2–4. Po ostatnim powtórzeniu oprogramowanie wykona etapy 2–4 łącznie 40 razy. Etap docelowy, do którego następuje powrót (GOTO), oraz liczbę cykli, można edytować w widoku graficznym lub w konspekcie protokołu.
- **Insert Melt Curve (Wstaw krzywą topnienia)** — wstawia etap odczytu krzywej topnienia.
- **Insert Plate Read to Step (Wstaw odczyt płytki do etapu)** — dodaje polecenie odczytu płytki do wybranego etapu. Odczyt płytki mierzy ilość fluorescencji na koniec cyklu. Etap odczytu płytki jest zwykle ostatnim etapem w pętli GOTO.

**Wskazówka:** Po dodaniu polecenia odczytu płytki do danego etapu i wybraniu tego etapu przycisk zmieni się na Remove Plate Read (Usuń odczyt płytki).

- **Remove Plate Read** (Usuń odczyt płytki) — usuwa polecenie odczytu płytki z wybranego etapu.

**Wskazówka:** Po usunięciu polecenia odczytu płytki z etapu ten przycisk ulega zmianie na przycisk Add Plate Read to Step (Dodaj odczyt płytki do etapu) w przypadku wybrania tego konkretnego etapu.

- **Step Options** (Opcje etapu) — powoduje otwarcie okna dialogowego Step Options (Opcje etapu) i wyświetlenie opcji dostępnych dla wybranego etapu. Więcej szczegółowych informacji na temat opcji etapów zawiera sekcja [Step Options \(Opcje etapu\) na stronie 112](#).

**Wskazówka:** Dostęp do opcji Step Options (Opcje etapu) można również uzyskać, klikając prawym przyciskiem myszy etap w widoku graficznym.

- **Delete Step** (Usuń etap) — usuwa wybrany etap z protokołu.



## Step Options (Opcje etapu)

Otworzyć okno dialogowe Step Options (Opcje kroku), aby przejrzeć opcje, które można dodawać do etapu, usuwać z niego lub zmieniać.

- **Plate Read** (Odczyt płytki) — jeśli ta opcja jest zaznaczona, odczyt płytki jest dodawany do etapu.
- **Temperature** (Temperatura) — ustawienie docelowej temperatury dla wybranego etapu.
- **Gradient** — ustawienie zakresu gradientu dla etapu; zakres wartości: 1–24°C.

**Uwaga:** Gradient działa przy najniższej temperaturze z przodu bloku (na tej ilustracji w rzędzie H) i najwyższej temperaturze z tyłu bloku (na tej ilustracji w rzędzie A).

- **Increment** (Przyrost) — wielkość, o jaką temperatura jest zwiększana (lub zmniejszana) w wybranym etapie; ta wielkość jest dodawana do docelowej temperatury przy każdym cyklu. Zakres wynosi  $\pm 0,1$ –10°C.
- **Uwaga:** Aby zmniejszać temperaturę, wpisać znak minus (–) przed wartością liczbową (np. -5°C).
- **Ramp Rate** (Szybkość zmiany) — szybkość zmiany w wybranym etapie; zakres zależy od wielkości bloku.
- **Time** (Czas) — czas utrzymywania wybranego etapu.

- **Extend** (Wydłużenie) — czas (w sekundach) wydłużenia lub skrócenia wybranego etapu; ta opcja jest dodawana do czasu utrzymywania w każdym cyklu; zakres wynosi  $\pm 1-60$  s.
- **Beep** (Sygnał dźwiękowy) — po zaznaczeniu tej opcji podczas etapu rozlega się sygnał dźwiękowy.

**Wskazówka:** Jeśli zostanie wprowadzona liczba spoza zakresu dla danej opcji, oprogramowanie zmieni ją na najbliższą wartość mieszczącą się w zakresie.

## Tworzenie protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu)

Za pomocą funkcji Protocol Editor (Edytor protokołu) można tworzyć niestandardowe pliki protokołów. Można też edytować i zapisywać wcześniej zapisane pliki protokołów oraz przykładowe pliki protokołów, z którymi dostarczane jest oprogramowanie CFX Maestro Dx SE.

Aby utworzyć nowy plik protokołu, wykonać następujące czynności:

- Otworzyć plik protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu).

**Wskazówka:** W oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) można otworzyć nowy lub istniejący protokół.

- Skonfigurować nowy protokół.
- Dodać do protokołu etapy z panelu elementów kontroli nad protokołem.
- Edytować właściwości etapów.
- Zapisać protokół.

**Wskazówka:** Informacje o zapisywaniu nowego protokołu na podstawie wcześniej zapisanego lub przykładowego pliku protokołu zamieszczono w rozdziale [Otwieranie istniejącego protokołu w oknie Protocol Editor \(Edytor protokołu\) na stronie 116](#).

## Otwieranie nowego pliku protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu)

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE zapewnia wiele opcji otwierania nowego pliku protokołu:

- Z menu File (Plik) w oknie Home (Strona główna)
- W oknie dialogowym Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) w oknie Home (Strona główna)
- W oknie dialogowym Kreator Startup Wizard (Kreator startowy) w oknie Home (Strona główna)

### Aby otworzyć nowy plik płytki z menu File (Plik)

- ▶ W oknie Home (Strona główna) wybrać File (Plik) > New (Nowy) > Protocol (Protokół).

Okno Protocol Editor (Edytor protokołu) zostanie otwarte i pojawi się w nim domyślny plik protokołu.

**Wskazówka:** Informacje o ustawianiu domyślnego protokołu zamieszczono w rozdziale [Zmiana ustawień pliku domyślnego na stronie 91](#).

### **Aby otworzyć nowy protokół z okna dialogowego Run Setup (Konfiguracja analizy próbek).**

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności w celu otworzenia okna dialogowego Run Setup (Konfiguracja analizy próbek):

- Wybrać opcje Run (Analiza próbek) > User-defined Run (Analiza zdefiniowana przez użytkownika).
- Kliknąć opcję User-Defined Run Setup (Konfiguracja analizy definiowanej przez użytkownika) na pasku narzędzi.

Zostanie otwarte okno dialogowe Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z wyświetlonym plikiem protokołu domyślnego.

2. Kliknąć opcję Create New (Utwórz nowe).

Okno Protocol Editor (Edytor protokołu) zostanie otwarte i pojawi się w nim domyślny protokół analizy w czasie rzeczywistym.

### **Aby otworzyć nowy plik protokołu z okna Home (Strona główna)**

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności w celu otworzenia kreatora Startup Wizard (Kreator startowy), jeśli nie jest on widoczny:

- Wybrać opcje View (Widok) > Startup Wizard (Kreator startowy).
- Kliknąć opcję Startup Wizard (Kreator startowy) na pasku narzędzi.

2. W razie potrzeby wybrać typ aparatu z listy rozwijanej.

3. Kliknąć User-defined (Zdefiniowany przez użytkownika), aby ustawić typ analizy.

Zostanie otwarte okno dialogowe Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z wyświetlonym plikiem protokołu domyślnego.

4. Kliknąć opcję Create New (Utwórz nowe).

Okno Protocol Editor (Edytor protokołu) zostanie otwarte i pojawi się w nim domyślny protokół analizy w czasie rzeczywistym.

### **Aby otworzyć nowy protokół z menu Run (Analiza)**

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności w celu otworzenia okna dialogowego Run Setup (Konfiguracja analizy próbek):

- Wybrać opcje Run (Analiza próbek) > User-defined Run (Analiza zdefiniowana przez użytkownika).
- Kliknąć opcję User-Defined Run Setup (Konfiguracja analizy definiowanej przez użytkownika) na pasku narzędzi.

Zostanie otwarte okno dialogowe Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z wyświetlonym plikiem protokołu domyślnego.

2. Kliknąć opcję Create New (Utwórz nowe).

Okno Protocol Editor (Edytor protokołu) zostanie otwarte i pojawi się w nim domyślny protokół analizy w czasie rzeczywistym.

## Otwieranie istniejącego protokołu w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu)

CFX Maestro Dx SE zapewnia przykładowe pliki protokołu, które można edytować i zapisywać jako niestandardowe nowe protokoły. Można też utworzyć nowy protokół z istniejącego protokołu niestandardowego.

### Otwarcie przykładowego pliku protokołu

1. W oknie Home (Strona główna) wybrać File (Plik) > Open (Otwórz) > Protocol (Protokół).

Domyślnie Eksplorator Windows otwiera lokalizację folderu plików Sample (Próbka) w oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE.

2. Otworzyć folder plików Sample (Próbka). Są tam następujące foldery:

- **ConventionalProtocols** (Protokoły konwencjonalne) — przykładowe pliki protokołu na potrzeby tradycyjnej analizy PCR.
- **DataFiles** (Pliki danych) — przykładowe pliki danych do wykorzystania w celu poznawania funkcji programu CFX Maestro Dx SE.
- **MeltCalibration** (Kalibracja topnienia) — przykładowe pliki protokołu do użytku z oprogramowaniem Bio-Rad Precision Melt Analysis.
- **Plates** (Płytki) — przykładowe pliki płytek.
- **RealTimeProtocols** (Protokoły analizy w czasie rzeczywistym) — przykładowe pliki protokołu na potrzeby analizy PCR w czasie rzeczywistym.

3. Otworzyć folder protokołów odpowiedni do typu analizy próbek, jakie mają być wykonywane — ConventionalProtocols (Protokoły konwencjonalne) lub RealTimeProtocols (Protokoły analizy w czasie rzeczywistym).

4. Wybrać potrzebny protokół i kliknąć Open (Otwórz).

Przykładowy protokół zostanie otwarty w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu).

5. Wybrać File (Plik) > Save As (Zapisz jako) i zapisać protokół z nową nazwą lub w nowym folderze.

## Otwarcie istniejącego protokołu

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności:
  - Wybrać File (Plik) > Open (Otwórz) > Protocol (Protokół), przejść do docelowego protokołu, wybrać go i kliknąć Open (Otwórz).
  - Otworzyć kreator Startup Wizard (Kreator startowy) i wykonać jedną z następujących czynności:
    - Aby edytować wyświetlony protokół, kliknąć Edit Selected (Edytuj wybrany).
    - Aby edytować inny istniejący protokół, kliknąć Select Existing (Wybierz istniejący) i przejść do docelowego pliku.

Protokół zostanie otwarty w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu).
2. Wybrać File (Plik) > Save As (Zapisz jako) i zapisać protokół z nową nazwą lub w nowym folderze.

## Konfigurowanie nowego protokołu

**Wskazówka:** Jeśli plik protokołu zawiera wymagane parametry (np. jeśli edytowany jest istniejący plik płytki), można pominąć ten rozdział i przejść do rozdziału [Dodawanie etapów do protokołu na stronie 119](#).

Nowe pliki protokołu wymagają określenia następujących parametrów:

- Block type (Typ bloku)
- Scan mode for the chosen block type (Tryb skanowania dla wybranego typu bloku)
- Lid temperature (Temperatura pokrywy)
- Sample volume (Objętość próbki)

## Ustawianie typu bloku

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE automatycznie oblicza przyrosty temperatury dla etapów gradientu na podstawie typu bloku.

**Uwaga:** Typ płytki skonfigurowany w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) musi być taki sam, jak typ płytki w module reakcyjnym.

### Aby ustawić typ bloku

- ▶ W oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) wybrać opcje Tools (Narzędzia) > Gradient Calculator (Kalkulator gradientu), a następnie wybrać odpowiedni typ płytki i tryb skanowania na wyświetlonej liście rozwijanej.

## Wybór trybu skanowania dla wybranego typu bloku

W celu określenia czasu analizy dla protokołu należy wybrać typ bloku docelowego i tryb skanowania.

### Aby wybrać typ bloku docelowego i tryb skanowania

- ▶ W oknie Protocol Editor (Edytor protokołu) wybrać opcje Tools (Narzędzia) > Run time Calculator (Kalkulator czasu analizy), a następnie wybrać odpowiedni typ płytki i tryb skanowania na wyświetlonej liście rozwijanej.

## Regulacja temperatury pokrywy

CFX Maestro Dx SE wyznacza domyślne temperatury pokrywy w następujący sposób:

- Aparaty z 96 studzienkami i studzienką głęboką — 105,0°C
- Aparaty z 384 studzienkami — 95,0°C.

Można zmienić domyślne ustawienia lub wyłączyć element grzejny pokrywy w zależności od wymagań protokołu.

### Ustawienie temperatury pokrywy

1. W oknie Plate Editor (Edytor płytki) wybrać Settings (Ustawienia) > Lid Settings (Ustawienia pokrywy).  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Lid Settings (Ustawienia pokrywy).
2. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - wybrać opcję User Defined (Zdefiniowane przez użytkownika) i wpisać wartość temperatury w polu tekstowym;
  - wybrać opcję Turn Off Lid Heater (Wyłącz element grzejny pokrywy).
3. Kliknąć OK, aby zaakceptować zmiany i zamknąć okno dialogowe.

## Ustawianie objętości próbki

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE domyślnie ustawia objętość próbki każdej studzienki na 25 µl. Objętości próbek różnią się w zależności od typu bloku, np.:

- 0–50 µl w przypadku bloku z 96 studzienkami,
- 0–30 µl w przypadku bloku z 384 studzienkami.

Aparat wykorzystuje jeden z dwóch trybów kontroli temperatury do określenia, czy próbka osiągnęła docelową temperaturę w protokole:

- **Calculated mode** (Tryb obliczony) — gdy objętość próbki jest ustawiona na wartość niezerową odpowiednią dla bloku, aparat oblicza temperaturę próbki na podstawie jej objętości. Jest to tryb standardowy.
- **Block mode** (Tryb bloku) — gdy objętość próbki jest ustawiona na zero (0) µl, aparat rejestruje temperaturę próbki jako równą zmierzonej temperaturze bloku.

### Ustawienie objętości próbki dla danego bloku

- ▶ Wpisać poprawną wartość w polu tekstowym Sample Volume (Objętość próbki) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

**Wskazówka:** Można zmienić domyślną objętość próbki w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika). Zob. rozdział [Zmiana ustawień pliku domyślnego na stronie 91](#).

## Dodawanie etapów do protokołu

### Dodanie etapu do protokołu

1. Otworzyć protokół w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu).
2. Ustalić, gdzie wstawić nowy etap. Wybrać opcję Before (Przed) lub After (Po) z listy rozwijanej Step (Etap) na pasku narzędzi.
3. Na wykresie wybrać etap, przed lub po którym ma być wstawiony nowy etap.
4. Kliknąć opcję Insert Step (Wstaw etap) w lewym panelu.
5. Aby zmienić temperaturę lub czas utrzymywania, kliknąć wartość domyślną na wykresie lub w panelu zarysu protokołu i wpisać nową wartość.
6. (Opcjonalnie) Kliknąć Step Options (Opcje etapu) w lewym panelu, aby wyświetlić okno dialogowe Step Options i zmodyfikować dostępne opcje dla wybranego etapu.



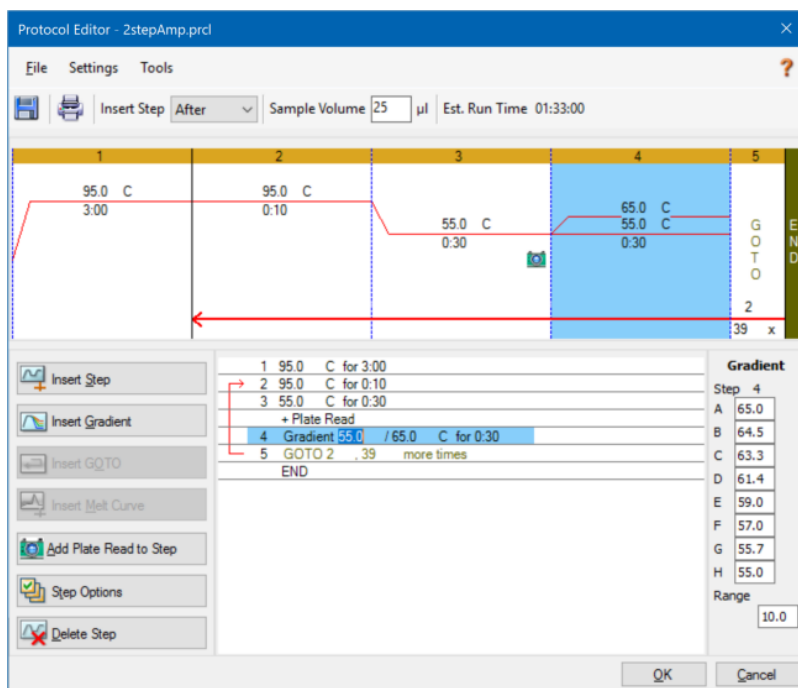
**Wskazówka:** Można przejść do okna dialogowego Step Options (Opcje etapu) z poziomu menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w panelu wykresu lub w panelu zarysu protokołu.

7. Kliknąć OK, a następnie Yes (Tak), aby zapisać zmiany protokołu.  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Save As (Zapisz jako).
8. W oknie dialogowym Save As (Zapisz jako) wpisać nazwę pliku z nowym protokołem i kliknąć Save (Zapisz).

## Wprowadzanie etapu gradientu

### Aby wprowadzić etap gradientu

1. Upewnić się, że rozmiar płytki dla gradientu jest taki sam, jak typ bloku aparatu — 96 studzienek, 384 studzienki lub głęboka studzienka.
2. Jeśli jeszcze nie wykonano tej czynności, należy wybrać rozmiar płytki dla gradientu:  
Wybrać opcje Tools (Narzędzia) > Gradient Calculator (Kalkulator gradientu), a następnie wybrać odpowiedni typ płytki z listy rozwijanej.
3. Na pasku narzędzi wybrać opcję Before (Przed) lub After (Po) z listy rozwijanej Insert Step (Wstaw etap).
4. Na panelu wykresu lub konspektu wybrać etap, przed lub po którym ma być wstawiony etap gradientu.
5. W panelu po lewej stronie kliknąć opcję Insert Gradient (Wstaw gradient). Nowy etap gradientu zostanie podświetlony na wykresie i w panelu konspektu — na przykład:



Temperatura każdego wiersza w gradiencie pojawi się w tabeli Gradient (Gradient) w prawym panelu.

6. Aby edytować zakres temperatur gradientu, należy wykonać jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć temperaturę domyślną w wykresie lub panelu konspektu i wprowadzić nową temperaturę.
  - Kliknąć polecenie Step Options (Opcje etapu), aby wprowadzić zakres gradientu w oknie Step Options (Opcje etapu).
  - Zmienić wartość Range (Zakres) w tabeli Gradient (Gradient).
7. Aby przeprowadzić edycję czasu wstrzymania, należy kliknąć domyślny czas w widoku graficznym lub tekstowym, a następnie wprowadzić nowy czas.
8. Kliknąć OK, a następnie Yes (Tak), aby zapisać zmiany.

## Wstawianie kroku GOTO

**Uwaga:** Do zestawu GOTO można wprowadzić etap GOTO; nie można tworzyć zagnieżdżonych pętli GOTO.

### **Aby wprowadzić etap GOTO**

1. Wybrać opcję Before (Przed) lub After (Po) z listy rozwijanej Insert Step (Wstaw etap) na pasku narzędzi.
2. Na wykresie wybrać etap, przed lub po którym ma być wstawiony etap GOTO.
3. W panelu po lewej stronie kliknąć opcję Insert GOTO (Wstaw GOTO).
4. Aby przeprowadzić edycję numeru etapu GOTO lub numeru powtórzeń GOTO, należy wybrać domyślny numer na wykresie lub w panelu konspektu i wprowadzić nową wartość.
5. Kliknąć OK, a następnie Yes (Tak), aby zapisać zmiany.

### **Wstawianie etapu krzywej topnienia**

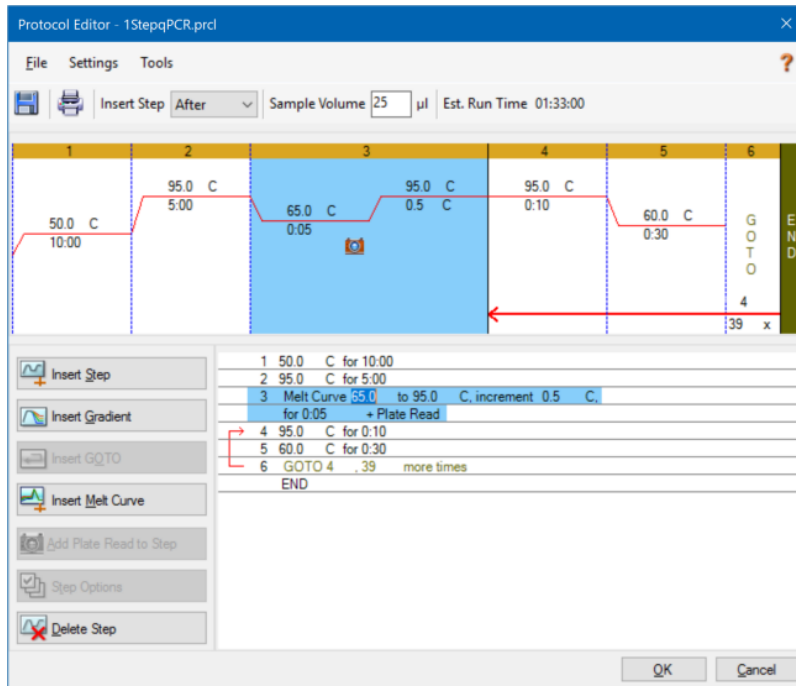
**Wskazówka:** Etapu krzywej topnienia nie można wprowadzić w pętli GOTO.

**Uwaga:** Etap krzywej topnienia obejmuje 30-sekundowe wstrzymanie na początku tego etapu, które nie jest przedstawione w protokole.

### **Aby wprowadzić etap krzywej topnienia**

1. Wybrać opcję Before (Przed) lub After (Po) z listy rozwijanej Insert Step (Wstaw etap) na pasku narzędzi.
2. Na wykresie wybrać etap, przed lub po którym ma być wstawiony etap krzywej topnienia.

3. W panelu po lewej stronie kliknąć opcję Insert Melt Curve (Wstaw krzywą topnienia). Nowy etap krzywej topnienia zostanie podświetlony na wykresie i w panelu konspektu — na przykład:



4. Aby przeprowadzić edycję zakresu temperatury topnienia lub czasu przyrostu, należy wybrać domyślny numer na wykresie lub w panelu konspektu i wprowadzić nową wartość.
5. Kliknąć OK, a następnie Yes (Tak), aby zapisać zmiany.

## Dodawanie lub usuwanie etapu odczytu płytki

**Wskazówka:** Po dodaniu polecenia odczytu płytki do danego etapu i wybraniu tego etapu przycisk zmieni się na Remove Plate Read (Usuń odczyt płytki).

### Dodanie odczytu płytki do etapu

1. Wybrać opcję Before (Przed) lub After (Po) z listy rozwijanej Insert Step (Wstaw etap) na pasku narzędzi.
2. Na wykresie wybrać etap, przed lub po którym ma być wstawiony etap odczytu płytki.
3. Aby dodać odczyt płytki do wybranego etapu, kliknąć opcję Add Plate Read to Step (Dodaj odczyt płytki do etapu) w lewym panelu.
4. Kliknąć OK, a następnie Yes (Tak), aby zapisać zmiany.

### Usunięcie odczytu płytki z etapu

- ▶ Na wykresie wybrać etap zawierający odczyt płytki i kliknąć opcję Remove Plate Read (Usuń odczyt płytki) w lewym panelu.

## Zmiana opcji etapu

### Aby zmienić opcje dla wybranego etapu

1. Wybrać etap docelowy w panelu wykresu lub konspektu.
2. W lewym panelu kliknąć pozycję Step Options (Opcje kroku), aby otworzyć okno dialogowe Step Options (Opcje kroku).

Alternatywnie kliknąć prawym przyciskiem myszy etap docelowy w dowolnym panelu i wybrać polecenie Step Options (Opcje etapu) w menu, które się pojawi.

3. Aby dodać, zmodyfikować lub usunąć opcje:
  - Wprowadzić wartość do odpowiedniego pola tekstowego.
  - Przeprowadzić edycję wartości w odpowiednim polu tekstowym.
  - Zaznaczyć pole wyboru lub usunąć jego zaznaczenie.
4. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe Step Options (Opcje etapu).
5. Kliknąć przycisk OK, a następnie przycisk Yes (Tak), aby zapisać protokół.

## Usuwanie etapu

**Ważne:** Tego działania nie można cofnąć. W przypadku usuwania etapów należy zachować ostrożność i rozważyć ewentualne konsekwencje.

### Aby usunąć etap w protokole

1. Wybrać etap w panelu wykresu lub konspektu.
2. W lewym panelu kliknąć opcję Delete Step (Usuń etap), aby usunąć wybrany etap.
3. Kliknąć przycisk OK, a następnie przycisk Yes (Tak), aby zapisać protokół.

## Kopiowanie, eksportowanie i drukowanie protokołu

### Kopiowanie protokołu

- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem myszy zarys protokołu i wybrać Copy Protocol (Kopiuj protokół).

Można wkleić zarys do pliku .txt, .xls, .doc lub .ppt.

### Eksport protokołu

1. Kliknąć prawym przyciskiem myszy zarys protokołu i wybrać Export Protocol (Eksportuj protokół).  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Save As (Zapisz jako).
2. (Opcjonalnie) W Eksploratorze Windows przejść do folderu, w którym ma być zapisany plik protokołu.
3. W polu File name (Nazwa pliku) wpisać nazwę eksportowanego pliku protokołu.
4. Kliknąć Save (Zapisz).

### Wydruk protokołu

- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem myszy zarys protokołu i wybrać Print (Drukuj).

Można wydrukować zarys protokołu za pomocą drukarki domyślnej.

## Tworzenie protokołu za pomocą Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu)

**Ważne:** Firma Bio-Rad nie gwarantuje, że uruchomienie protokołu utworzonego w Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) zawsze zapewni produkt PCR.

Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) w oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE automatycznie generuje protokoły cykli na podstawie następujących parametrów wejściowych:

- **Amplicon length** (Długość amplikonu) — oczekiwana długość produktu PCR.
- **Annealing temperature** (Temperatura annealingu) —  $T_a$  reakcji dla stosowanych primerów.

Jeśli wartość  $T_a$  nie jest znana, można ją obliczyć automatycznie za pomocą kalkulatora  $T_a$  na podstawie sekwencji konkretnych primerów.

**Uwaga:** Wartość  $T_a$  jest korygowana na podstawie informacji o temperaturze topnienia primera ( $T_m$ ) uzyskiwanych w oparciu o wybrany enzym i szybkość protokołu.

- **Enzyme type** (Typ enzymu) — enzym polimeraza DNA (polimeraza DNA iTaq, iProof lub Other (Inny)).

Jeśli stosowany jest enzym inny niż polimeraza DNA iTaq lub iProof, można wprowadzić dodatkowe informacje, w tym zakres gradientu, czas aktywacji w technice „hot start” (w sekundach) i czas końcowego wydłużania (w sekundach).

- **Run speed** (Szybkość analizy próbek) — szybkość reakcji (standardowa, szybka lub ultraszybka).

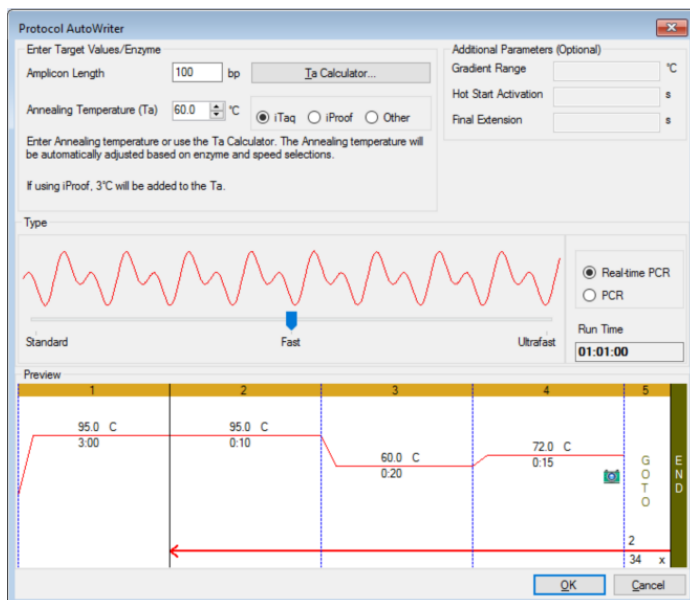
Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) optymalizuje protokół w zależności od wybranego ustawienia szybkości. Całkowity czas analizy próbek jest określany na podstawie liczby etapów i cykli, czasu inkubacji w każdym etapie oraz czasu wymaganego do osiągnięcia jednorodności w temperaturze docelowej.

Na podstawie parametrów wprowadzonych przez użytkownika oraz standardowych wytycznych dotyczących PCR Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) automatycznie generuje zindywidualizowany protokół PCR z etapami „hot start”, początkowej denaturacji, annealingu i wydłużania. Następnie można przejrzeć graficzną prezentację sugerowanego protokołu i wyedytować, uruchomić lub zapisać protokół.

## Utworzenie nowego protokołu za pomocą Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) w oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE

1. W oknie Home (Strona główna) wybrać Tools (Narzędzia) > Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu).



2. W części Enter Target Values/Enzyme (Wprowadź docelowe wartości / enzym) wykonać następujące czynności:
  - Wpisać wartość Annealing Temperature ( $T_a$ ) (Temperatura annealingu) dla primerów, o ile jest znana.

**Wskazówka:** Więcej informacji przedstawiono w rozdziale [Korzystanie z funkcji Ta Calculator \(Kalkulator dla temperatury annealingu Ta\)](#) na stronie 128.

**Uwaga:** Więcej informacji o obliczeniach stosowanych przez  $T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ) można znaleźć w publikacji Breslauera i wsp. 1986.
  - Wpisać wartość Amplicon Length (Długość amplikonu) wyrażoną w parach zasad (bp).
  - Wybrać typ enzymu z listy opcji (polimeraza DNA iTaq, polimeraza DNA iProof lub Other (Inny)).

**Wskazówka:** Wybór typu enzymu Other (Inny) spowoduje uaktywnienie parametrów w części Additional Parameters (Optional) (Dodatkowe parametry (Opcjonalne)).



3. Jeśli wybrano typ enzymu Other (Inny), można uzupełnić protokół o dowolne lub wszystkie z następujących parametrów:
  - Gradient range (Zakres gradientu),
  - temperatura Hot Start Activation (Aktywacja w technice „hot start”),
  - czas Final Extension (Końcowe wydłużanie).
4. W części Type (Typ) przesunąć suwak w celu wybrania szybkości protokołu (Standard, Fast (Szybka) lub Ultrafast (Ultraszybka)). CFX Maestro Dx SE dostosuje całkowity czas analizy próbek.
5. Wybrać typ analizy PCR, jaka ma zostać przeprowadzona (domyślnie zaznaczona jest analiza Real-time PCR (PCR w czasie rzeczywistym)).

W przypadku PCR w czasie rzeczywistym CFX Maestro Dx SE dodaje etap odczytu płytki w celu zebrania danych fluorescencyjnych.
6. Przejrzeć protokół w części Preview (Podgląd). Można wprowadzić potrzebne zmiany.
7. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć OK, aby zapisać nowy protokół. Zapisany protokół otwiera się w kreatorze Startup Wizard (Kreator startowy). Kliknąć Edit Selected (Edytuj wybrany), aby wprowadzić wszelkie potrzebne zmiany w protokole. Na przykład może być konieczna zmiana temperatury pokrywy i objętości próbki.
  - Kliknąć Cancel (Anuluj), aby zamknąć okno bez zapisywania protokołu.

## Korzystanie z funkcji $T_a$ Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu $T_a$ )

Jeśli wartość temperatury annealingu dla primera nie jest znana, można użyć funkcji  $T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ) do obliczenia tej wartości. Można użyć tej wartości w funkcji Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) lub Protocol Editor (Edytor protokołu) w celu utworzenia protokołu.

### Informacje o funkcji $T_a$ Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu $T_a$ )

$T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ) oblicza wartość  $T_m$  dla każdego primera oraz wartość  $T_a$  dla protokołu przy standardowej szybkości.

Wartość  $T_a$  dla protokołu jest wyznaczana na podstawie średnich wartości  $T_m$  primerów z zastosowaniem następujących zasad:

- Jeżeli różnica między wartościami  $T_m$  primerów wynosi  $> 4^\circ\text{C}$ , to  $T_a = (\text{mniejsza z dwóch wartości } T_m \text{ primerów} + 2) - 4^\circ\text{C}$
- Jeżeli różnica między wartościami  $T_m$  wynosi  $\leq 4^\circ\text{C}$ , to  $T_a = (\text{średnia z wartości } T_m \text{ primerów}) - 4^\circ\text{C}$

### Metoda zliczania par zasad

W przypadku każdego primera kalkulator  $T_a$  wykorzystuje metodę zliczania par zasad dla sekwencji zawierających 14 par zasad (bp) lub mniej.

$$T_m = ((w*A + x*T) * 2) + ((y*G + z*C) * 4)$$

gdzie w, x, y oraz z są liczbami odpowiednio zasad A, T, G oraz C w sekwencji.

### Metoda najbliższego sąsiada

W przypadku sekwencji, których długość przekracza 14 par zasad, stosowana jest metoda najbliższego sąsiada. W metodzie najbliższego sąsiada obliczenia temperatury topnienia są oparte na relacjach termodynamicznych między entropią (rzęd lub miara losowości oligonukleotydów), entalpią (ciepło uwalniana lub pochłaniana przez oligonukleotydy), energią swobodną i temperaturą.

$$\Delta H = \Delta G + T * \Delta S$$

gdzie:

- $\Delta H$  = wartość entalpii, cal/mol\*K
- T = temperatura w kelwinach
- $\Delta S$  = wartość entropii, cal/mol\*K
- $\Delta G$  = energia swobodna Gibbsa wyrażona w cal/mol\*K

Zmiana w entropii i entalpii jest obliczana bezpośrednio poprzez sumowanie wartości dla pary nukleotydów, które przedstawia [Tabela 8](#) (Breslauer et al. 1986).

Relacja między energią swobodną a stężeniem składników reakcji i produktów w równowadze jest następująca:

$$\Delta G = R * T * \ln \left( \frac{(\text{DNA} * \text{Primer})}{(\text{DNA} + \text{Primer})} \right)$$

gdzie R jest stałą gazową (1,986 cal/mol\*K).

Podstawienie G w obu równaniach i obliczenie T zwraca

$$T = \frac{\Delta H}{(\Delta S + R * \ln \left( \frac{(\text{DNA} * \text{Primer})}{(\text{DNA} + \text{Primer})} \right))}$$

przy założenie, że stężenie DNA i kompleksu DNA-primer są równe.

Ustalono empirycznie, że zmiana energii swobodnej podczas przejścia DNA z formy jednoniciowej do formy B wynosi 5 kcal (3,4 kcal) (Sugimoto et al. 1996). Zakłada się, że jest to energia wymagana do zainicjowania powstawania helisy. Na koniec korekta z uwzględnieniem soli umożliwiła uzyskanie równania, z którego korzysta kalkulator  $T_a$  :

$$T = (\Delta H - 5(\text{kcal/K}^*\text{mol})) / (\Delta S + (R * \ln(1/(\text{primer})))) + 16.6 \log_{10} (\text{Molalność Soli})$$

Nie jest wymagana stała korekcyjna uwzględniająca stężenie soli, ponieważ różne parametry zostały ustalone przy stężeniu 1 M NaCl, a  $\log_{10}$  z 1 wynosi zero.

W obliczeniach termodynamicznych przyjęto założenie, że annealing ma miejsce przy pH 7,0. W obliczeniach  $T_m$  obowiązuje założenie, że sekwencje nie są symetryczne i zawierają co najmniej jedną G lub C.

W celu uzyskiwania rozsądnych wartości  $T_m$  sekwencja oligonukleotydów powinna mieć długość co najmniej 14 zasad. W przypadku sekwencji krótszych niż 14 zasad należy stosować metodę liczenia par zasad (patrz [Tabela 8](#) poniżej).

**Tabela 8. Stałe interakcji Breslauera**

Interakcja		$\Delta H$	$\Delta S$	$\Delta G$
AA	TT	9,1	24	1,5
AT	TA	8,6	23,9	1,5
AC	TG	6,5	17,3	1,3
AG	TC	7,8	20,8	1,6
TA	AT	6	16,9	0,9
TT	AA	9,1	24	1,9
TC	AG	5,6	13,5	1,6
TG	AC	5,8	12,9	1,9
CA	GT	5,8	12,9	1,9
CT	GA	7,8	20,8	1,6
CC	GG	11	26,6	3,1
CG	GC	11,9	27,8	3,6
GA	CT	5,6	13,5	1,6

**Tabela 8. Stałe interakcji Breslauera, ciąg dalszy**

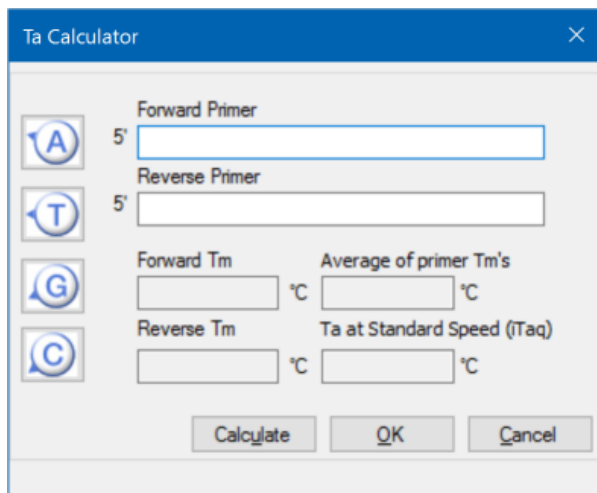
Interakcja		$\Delta H$	$\Delta S$	$\Delta G$
GT	CA	6,5	17,3	1,3
GC	CG	11,1	26,7	3.1
GG	CC	11	26,6	3.1

## Korzystanie z funkcji $T_a$ Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu $T_a$ )

### Użycie kalkulatora $T_a$

1. Aby otworzyć  $T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ), wykonać jedną z następujących czynności:
  - Jeśli aktualnie otwarty jest Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu), kliknąć  $T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ).
  - W oknie Home (Strona główna) wybrać Tools (Narzędzia) >  $T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe  $T_a$  Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu  $T_a$ ).



2. W polu tekstowym Forward Primer (Primer wiodący) wpisać lub wkleić sekwencję primera wiodącego.  
**Wskazówka:** Sekwencję można też wprowadzić za pomocą przycisków A, T, G, C po lewej stronie okna dialogowego.
3. Wpisać lub wkleić sekwencję primera odwrotnego w polu tekstowym Reverse Primer (Primer odwrotny).
4. Kliknąć Calculate (Oblicz).

T<sub>a</sub> Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu Ta) oblicza i wyświetla wartość T<sub>m</sub> dla każdego primera oraz średnie wartości T<sub>m</sub> i T<sub>a</sub>, np.:

Field	Value	Unit
Forward T <sub>m</sub>	59.7	°C
Reverse T <sub>m</sub>	56.9	°C
Average of primer T <sub>m</sub> 's	58.3	°C
T <sub>a</sub> at Standard Speed (iTaQ)	54.3	°C

Jeśli wartości T<sub>m</sub> primera różnią się od siebie o więcej niż 4°C, Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu) wykorzystuje niższą wartość T<sub>m</sub> primera + 2°C jako podstawę do obliczenia wartości T<sub>a</sub>, którą można później modyfikować, zmieniając enzym i szybkość reakcji.

T<sub>a</sub> Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu Ta) generuje temperaturę annealingu dla standardowej szybkości z polimerazą DNA iTaq. W przypadku używania innego enzymu ustawienie szybkości powoduje automatyczne dostosowanie T<sub>a</sub>.

5. Wykonaj jedną z następujących czynności:

- Jeśli funkcja T<sub>a</sub> Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu Ta) została otwarta z okna Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu), kliknąć OK. Nastąpi powrót do okna Protocol AutoWriter (Automatyczny kreator protokołu). Temperatura annealingu jest modyfikowana automatycznie.
- Jeśli funkcja T<sub>a</sub> Calculator (Kalkulator dla temperatury annealingu Ta) została otwarta w menu Tools (Narzędzia), odnotować obliczenia i kliknąć Cancel, aby zamknąć kalkulator.



## Rozdział 8 Przygotowywanie płytek

Plik płytki zawiera informacje o parametrach analizy, np. o trybie skanowania, fluoroforach i zawartościach studzienek. Po analizie produkt oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security łączy zawartości studzienek z danymi fluorescencji zgromadzonymi podczas analizy, a następnie wykonuje odpowiednie analizy w oknie Data Analysis (Analiza danych). Na przykład studzienki załadowane standardowymi typami próbek są używane do wygenerowania krzywej wzorcowej.

W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE dostępne są dwie opcje tworzenia płytek: Edytor Plate Editor (Edytor płytki) przeznaczony do analiz PCR w czasie rzeczywistym oraz kreator Setup Wizard (Kreator konfiguracji) do stosowania w przypadku znormalizowanych analiz ekspresji genów.

Okno Plate Editor (Edytor płytki):

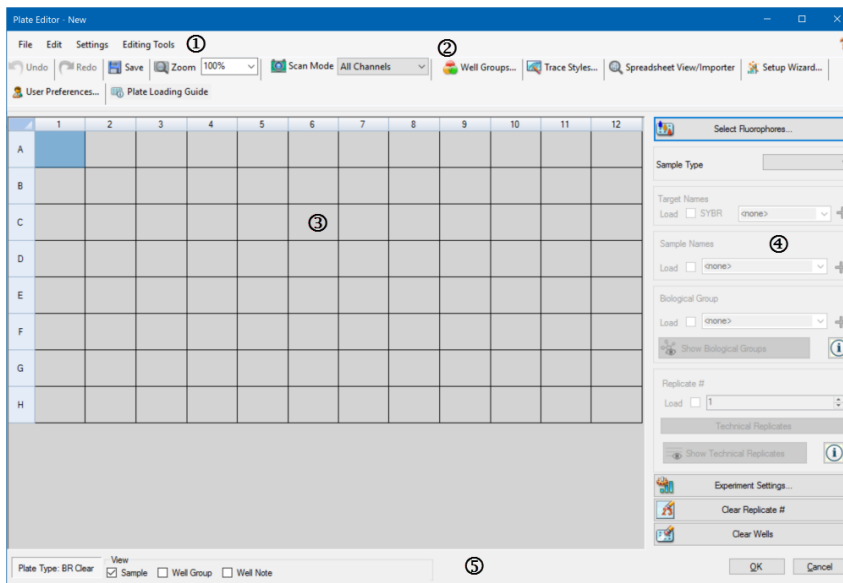
- Zawiera opcje standardowych fluoroforów i typów próbek do przypisania do studzienek płytek
- Umożliwia ustawienie referencyjnych sekwencji docelowych oraz próbek kontrolnych do analiz ekspresji genów
- Umożliwia edycję konfiguracji płytki przed analizą, w jej trakcie oraz po analizie
- Pozwala na zapisywanie plików płytek do ponownego wykorzystania
- Umożliwia wydrukowanie pliku płytki na domyślnej drukarce

Kreator Setup Wizard (Kreator konfiguracji) prowadzi użytkownika przez proces tworzenia układu płytki dla znormalizowanej analizy ekspresji genów. Z kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) można korzystać przed analizą, w jej trakcie, a także po zakończeniu analizy.



## Okno Plate Editor (Edytor płytki)

Obszar Plate Editor (Edytor płytki) służy do tworzenia niestandardowych płytek i modyfikowania istniejących płytek.



### LEGENDA

1. Pasek menu zapewnia szybki dostęp do poleceń menu File (Plik) i Settings (Ustawienia), a także do opcji narzędzi edycji płytek.
2. Pasek narzędzi zapewnia szybki dostęp do ważnych funkcji ładowania płytek.
3. W panelu głównym wyświetlany jest układ płytki oraz pojawiają się opcje płytki w miarę ich stosowania.
4. W prawym panelu wyświetlane są opcje, których można użyć w celu dostosowania płytki.
5. W dolnym panelu wyświetlany jest typ płytki oraz możliwy jest szybki dostęp do opcji wyświetlania.

## Polecenia menu File (Plik)

**Save** (Zapisz) — służy do zapisywania pliku danych próbki w lokalizacji określonej na zakładce File (Plik) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika). Więcej informacji zawiera rozdział

[Zmiana ustawień pliku domyślnego na stronie 91](#). Ta pozycja menu jest dostępna tylko podczas tworzenia nowego pliku płytki.

**Save As** (Zapisz jako) — umożliwia zapisanie otwartego pliku danych płytki pod podaną nazwą. Ta pozycja menu jest dostępna tylko podczas tworzenia nowego pliku płytki.

**File Passwords** (Hasła do plików) — umożliwia użytkownikom ustawienie haseł do zapisywania i otwierania plików.

**Extract Plate** (Wyodrębnij płytkę) — otwiera okno dialogowe, w którym można zapisać/wyodrębnić plik płytki (.pltd). Ta pozycja menu jest dostępna tylko podczas wyświetlania lub edycji istniejącego pliku płytki.

**Print** (Drukuj) — umożliwia wydrukowanie otwartego pliku danych płytki.

**Close** (Zamknij) — zamyka obszar Plate Editor (Edytor płytki).

## Polecenia menu Edit (Edycja)

**Undo** (Cofnij) — cofnięcie zmiany w pliku płytki (działa do punktu ostatniego zapisu pliku płytki).

**Redo** (Ponów) — odwrócenie ostatniego działania Undo (Cofnij) (działa do punktu ostatniego zapisu pliku płytki).

## Polecenia menu Settings (Ustawienia)

**Plate Size** (Wielkość płytki) — otwarcie okna dialogowego, w którym można wybrać wielkość płytki na potrzeby konkretnej analizy próbek.

**Uwaga:** Wielkość płytki musi być taka sama, jak wielkość bloku w aparacie, w którym wykonywana jest analiza.

**Wybierz 96 studzienek dla:**

- CFX Opus 96 Dx
- CFX Opus Deepwell Dx

**Wybierz 384 studzienek dla:**

- CFX Opus 384Dx

**Plate Type** (Typ płytki) — możliwość wyboru typu studzienek w płytce, które utrzymują próbki: BR White (Białe) lub BR Clear (Przezroczyste). Aby zapewnić dokładność analizy danych, wybrany typ płytki musi być taki sam, jak typ płytki stosowany w danej analizie próbek.

**Uwaga:** Nowe typy płytek muszą zostać skalibrowane. Więcej informacji przedstawiono w rozdziale [Kalibrowanie nowych barwników na stronie 83](#).

**Number Convention** (Konwencja liczb) — możliwość włączenia lub wyłączenia opcji wyświetlania jednostek w notacji naukowej. Domyślnie jednostki są wyświetlane w notacji naukowej.

**Units** (Jednostki) — możliwość wyboru jednostek prezentowanych w arkuszach kalkulacyjnych podczas wykonywania ilościowego oznaczenia próbek nieznanych w odniesieniu do krzywej wzorcowej.

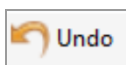
## Polecenia menu Editing Tools (Narzędzia do edycji)

**Setup Wizard** (Kreator konfiguracji) — otwiera obszar Setup Wizard (Kreator konfiguracji), w którym można zdefiniować parametry układu i analizy dla bieżącej płytki. Z kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) można korzystać przed analizą, w jej trakcie, a także po zakończeniu analizy.

**Spreadsheet View/Importer** (Podgląd/importer arkusza kalkulacyjnego) — otwiera okno dialogowe View (Widok), w którym wyświetlany jest układ płytki jako szablon w formacie arkusza kalkulacyjnego. Za pomocą tego okna dialogowego można wyeksportować lub zaimportować dane szablonu płytki w formacie .csv.

**Flip Plate** (Odwróć płytkę) — odwraca zawartość płytki o 180°.

## Polecenia na pasku narzędzi



Undo

Cofa zmianę w płytce. CFX Maestro Dx SE obsługuje do dziesięciu operacji cofania



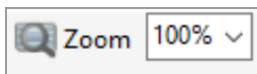
Redo

Odwraca ostatnią czynność Undo (Cofnij). CFX Maestro Dx SE obsługuje do dziesięciu czynności ponawiania.



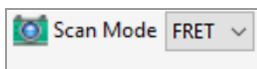
Save

Zapisuje plik bieżącej płytki.



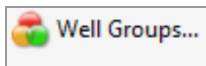
Zoom 100% ▾

Wyświetla listę rozwijaną, z której można powiększyć lub zmniejszyć widok płytki.



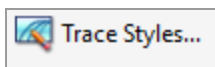
Scan Mode FRET ▾

Wyświetla listę rozwijaną, z której można wybrać tryb skanowania stanowiący dla aparatu instrukcję dotyczącą tego, z których kanałów gromadzić dane fluorescencji podczas analizy.



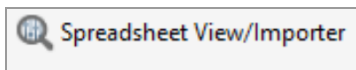
Well Groups...

Otwiera obszar Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek), w którym można tworzyć grupy studzienek dla bieżącej płytki.

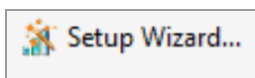


Trace Styles...

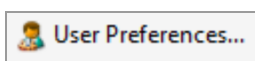
Wyświetla okno dialogowe, w którym można wybrać kolory i symbole dla krzywych amplifikacji.



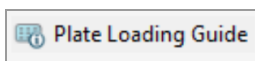
Otwiera okno dialogowe View (Widok), w którym wyświetlany jest układ płytki jako szablon w formacie arkusza kalkulacyjnego. Za pomocą tego okna dialogowego można wyeksportować lub zaimportować dane szablonu płytki w formacie .csv.



Otwiera obszar Setup Wizard (Kreator konfiguracji), w którym można zdefiniować parametry układu i analizy dla bieżącej płytki. Z kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) można korzystać przed analizą, w jej trakcie, a także po zakończeniu analizy.



Otwiera zakładkę Plate (Płytki) w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika), na której można zdefiniować parametry układu płytki, a także tworzyć i usuwać nazwy sekwencji docelowych, próbek i grup biologicznych. Zmiany wprowadzane na zakładce Plate (Płytki) będą dostępne przy następnym otwarciu edytora Plate Editor (Edytor płytki).



Wyświetla kroki wymagane w celu skonfigurowania płytki i załadowania studzienek.

## Tworzenie pliku płytki za pomocą edytora Plate Editor (Edytor płytki)

Za pomocą funkcji Plate Editor (Edytor płytki) można tworzyć niestandardowe pliki płytek. Można też edytować i zapisywać wcześniej zapisane pliki płytek oraz przykładowe pliki płytek dostarczane w oprogramowaniu System CFX Opus Dx.

Aby utworzyć nowy plik płytki, należy wykonać następujące czynności:

- Otworzyć okno Plate Editor (Edytor płytki).
- Wybrać typ płytki.  
**Uwaga:** Typ płytki dla pliku płytki musi być taki sam, jak typ płytki w module reakcyjnym.
- Wybrać tryb skanowania, który będzie używany w protokole.
- Wybrać fluorofory, który będą używane w płytce.
- Wybrać typ próbek, sekwencje docelowe oraz próbki.
- W razie potrzeby wybrać replikaty techniczne.
- Zapisać układ płytki.

**Wskazówka:** Informacje o zapisywaniu nowej płytki na podstawie wcześniej zapisanego lub przykładowego pliku płytki zamieszczono w rozdziale [Otwieranie istniejącego pliku płytki w oknie Plate Editor \(Edytor płytki\) na stronie 142](#).

## Otwieranie nowego pliku płytki w oknie Plate Editor (Edytor płytki)

CFX Maestro Dx SE zapewnia wiele opcji otwierania nowego pliku płytki:

- z okna Home (Strona główna),
- z okna dialogowego Startup Wizard (Kreator startowy),
- z okna dialogowego Run Setup (Konfiguracja analizy próbek).

### Otwarcie nowego pliku płytki z okna Home (Strona główna)

- ▶ Wybrać File (Plik) > New (Nowy) > Plate (Płytki).

Zostanie otwarte okno Plate Editor (Edytor płytki) z wyświetlonym domyślnym plikiem płytki dla wybranego aparatu.

**Wskazówka:** Informacje o ustawianiu domyślnego pliku płytki zamieszczono w rozdziale [Zmiana ustawień pliku domyślnego na stronie 91](#).

### **Otwarcie nowego pliku płytki z okna Startup Wizard (Kreator startowy).**

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności w celu otworzenia kreatora Startup Wizard (Kreator startowy), jeśli nie jest on widoczny:
  - Wybrać opcje View (Widok) > Startup Wizard (Kreator startowy).
  - Kliknąć opcję Startup Wizard (Kreator startowy) na pasku narzędzi.
2. W razie potrzeby wybrać typ aparatu z listy rozwijanej.
3. Aby utworzyć nową płytkę, kliknąć typ analizy User-defined (Zdefiniowany przez użytkownika).  
Zostanie otwarte okno dialogowe Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z wyświetloną zakładką Protocol (Protokół).
4. Kliknąć zakładkę Plate (Płytki), a następnie opcję Create New (Utwórz nową).  
Zostanie otwarte okno Plate Editor (Edytor płytki) z wyświetlonym domyślnym układem płytki dla wybranego aparatu.

### **Otwarcie nowego pliku płytki z okna dialogowego Run Setup (Konfiguracja analizy próbek).**

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności w celu otworzenia okna dialogowego Run Setup (Konfiguracja analizy próbek):
  - Wybrać opcje Run (Analiza próbek) > User-defined Run (Analiza zdefiniowana przez użytkownika).
  - Kliknąć opcję User-Defined Run Setup (Konfiguracja analizy definiowanej przez użytkownika) na pasku narzędzi.Zostanie otwarte okno dialogowe Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) z zakładką Protocol (Protokół).
2. Aby utworzyć nową płytkę, kliknąć zakładkę Plate (Płytki), a następnie opcję Create New (Utwórz nową).  
Zostanie otwarte okno Plate Editor (Edytor płytki) z wyświetlonym domyślnym układem płytki dla wybranego aparatu.

## Otwieranie istniejącego pliku płytki w oknie Plate Editor (Edytor płytki)

CFX Maestro Dx SE zapewnia przykładowe pliki płytki, które można edytować i zapisywać jako nową płytkę. Można też utworzyć nowy plik płytki z wcześniej zapisanego pliku płytki.

### Otwarcie przykładowego pliku płytki

1. W oknie Home (Strona główna) wybrać File (Plik) > Open (Otwórz) > Plate (Płytki).

Program Eksplorator Windows otwiera lokalizację folderu plików Sample (Próbka) aparatu System CFX Opus Dx.

2. Otworzyć folder plików Sample (Próbka), a następnie folder Plates (Płytki).
3. Wybierz plik płytki i kliknij Otwórz.

Przykładowy plik płytki zostanie otwarty w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

4. Wybrać File (Plik) > Save As (Zapisz jako) i zapisać plik płytki z nową nazwą lub w nowym folderze.

### Otwarcie wcześniej zapisanego pliku płytki

1. W oknie Home (Strona główna) wykonać jedną z następujących czynności:

- Wybrać File (Plik) > Open (Otwórz) > Plate (Płytki), przejść do docelowej płytki, wybrać ją i kliknąć Open (Otwórz).
- Otworzyć kreator Startup Wizard (Kreator startowy) i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Aby edytować istniejący plik płytki, kliknąć Select Existing (Wybierz istniejący) i przejść do docelowego pliku.
  - Aby edytować wyświetlony plik płytki, kliknąć Edit Selected (Edytuj wybrany).

Docelowa płytki zostanie otwarta w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

2. Wybrać File (Plik) > Save As (Zapisz jako) i zapisać plik płytki z nową nazwą lub w nowym folderze.

## Konfigurowanie nowego pliku płytki

**Wskazówka:** Jeśli plik płytki zawiera wymagane parametry (np. jeśli edytowany jest przykładowy lub istniejący plik płytki), można pominąć ten rozdział i przejść do rozdziału [Przypisywanie parametrów opcjonalnych do pliku płytki na stronie 151](#).

Nowe pliki płytki wymagają określenia następujących parametrów:

- Plate size (Wielkość płytki),
- Plate type (Typ płytki),
- Scan mode (Tryb skanowania),
- One fluorophore (dye) (Jeden fluorofor (barwnik)),
- One sample type (Jeden typ próbki).

### Wybieranie wielkości i typu płytki

**Ważne:** Wielkość płytki musi zostać wybrana podczas konfigurowania płytki. Nie można zmienić wielkości płytki podczas analizy próbek ani po jej zakończeniu.

Oprogramowanie stosuje wielkość i typ płytki do wszystkich studzienek podczas analizy próbek. Upewnij się, że wybrana wielkość płytki jest taka sama, jak płytki, która będzie stosowana w analizie.

Systemy CFX Opus Dx w oprogramowaniu Bio-Rad są fabrycznie skalibrowane dla wielu kombinacji barwników fluorescencyjnych i płytek. Kalibracja jest specyficzna dla aparatu, barwnika i typu płytki. Upewnij się, że fluorofor, który ma być stosowany, jest skalibrowany dla wybranego typu płytki.

**Wskazówka:** Aby skalibrować nową kombinację barwnika i typu płytki w danym aparacie, wybrać Tools (Narzędzia) > Dye Calibration Wizard (Kreator kalibracji barwnika). Więcej informacji o kalibrowaniu barwników i typów płytek przedstawiono w rozdziale [Kalibrowanie nowych barwników na stronie 83](#).

### Wybieranie trybu skanowania

Systemy CFX Opus 96 Dx i CFX Opus Deepwell Dx wzbudzają i wykrywają fluorofory w pięciu kanałach (plus FRET). System CFX Opus 384 Dx wzbudza i wykrywa fluorofory w czterech kanałach (plus FRET). Wszystkie systemy wykorzystują wiele trybów skanowania z akwizycją danych celem gromadzenia danych fluorescencji podczas analizy.

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE udostępnia trzy tryby skanowania:

- All Channels (Wszystkie kanały)
  - Skanuje kanały od 1 do 5 w systemach CFX Opus 96 Dx i CFX Opus Deepwell Dx
  - Skanuje kanały od 1 do 4 w systemach CFX Opus 384 Dx



- SYBR®/FAM
  - Skanuje tylko kanał 1
  - Zapewnia szybkie skanowanie
- FRET
  - Skanuje tylko kanał FRET
  - Zapewnia szybkie skanowanie

### Wybieranie fluoroforów

**Ważne:** Przed rozpoczęciem analizy próbek, systemy CFX sprawdzają, czy fluorofory określone w płytce są skalibrowane w danym aparacie. Nie można analizować płytki, jeśli zawiera ona fluorofory nieskalibrowane w tym aparacie.

Przed rozpoczęciem analizy próbek trzeba załadować co najmniej jeden fluorofor na płytkę. Na tym etapie można dodać tyle fluoroforów, ile jest konieczne, ale płytka musi zawierać co najmniej jeden fluorofor. Wybrane fluorofory pojawiają się jako opcje dla genów docelowych w części Target Names (Nazwy genów docelowych).

Za pomocą okna dialogowego Select Fluorophores (Wybierz fluorofory) można załadować fluorofory (lub barwniki płytek) do elementów kontroli ładowania studzienek w oknie Plate Editor (Edytor płytki). Fluorofory wyświetlane w oknie dialogowym Select Fluorophores (Wybierz fluorofory) zależą od wybranego trybu skanowania:

- All Channels (Wszystkie kanały)

Wyświetlane są wszystkie dostępne fluorofory.

**Wskazówka:** Można dodać tyle fluoroforów, ile jest potrzebne, ale można załadować tylko jeden fluorofor na kanał w każdej studzience.

- SYBR®/FAM

Wyświetlane są tylko fluorofory z kanału 1.

- FRET

Wyświetlany jest tylko fluorofor z kanału 6.

**Wskazówka:** Fluorofor FRET z kanału 6 jest wyświetlany jedynie, gdy wybrano tryb skanowania FRET. Nie jest dostępny w trybie skanowania All Channels (Wszystkie kanały).

**Uwaga:** Nie można bezpośrednio dodawać fluoroforów do okna dialogowego Select Fluorophores (Wybierz fluorofory), ani usuwać ich bezpośrednio z tego okna. Nowe fluorofory w danym aparacie trzeba skalibrować przy użyciu kreatora Dye Calibration Wizard (Kreator kalibracji barwnika). Po

kalibracji nowy fluorofor jest automatycznie dodawany do tej listy. Więcej informacji przedstawiono w rozdziale [Kalibrowanie nowych barwników na stronie 83](#).

## Wybieranie typów próbek

**Ważne:** Przed rozpoczęciem analizy próbek trzeba wybrać co najmniej jeden typ próbek, aby przypisać go do studzienek na płytce.

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE oferuje pięć typów próbek:

- Unknown (Nieznana)
- Standard (Wzorzec)
- NTC (kontrola bez matrycy)
- Positive Control (Kontrola dodatnia)
- Negative Control (Kontrola ujemna)
- NRT (Bez materiału badanego przy odwrotnej transkrypcji)

Typy próbek można przypisać do studzienek na płytce.

## Konfigurowanie nowej płytki

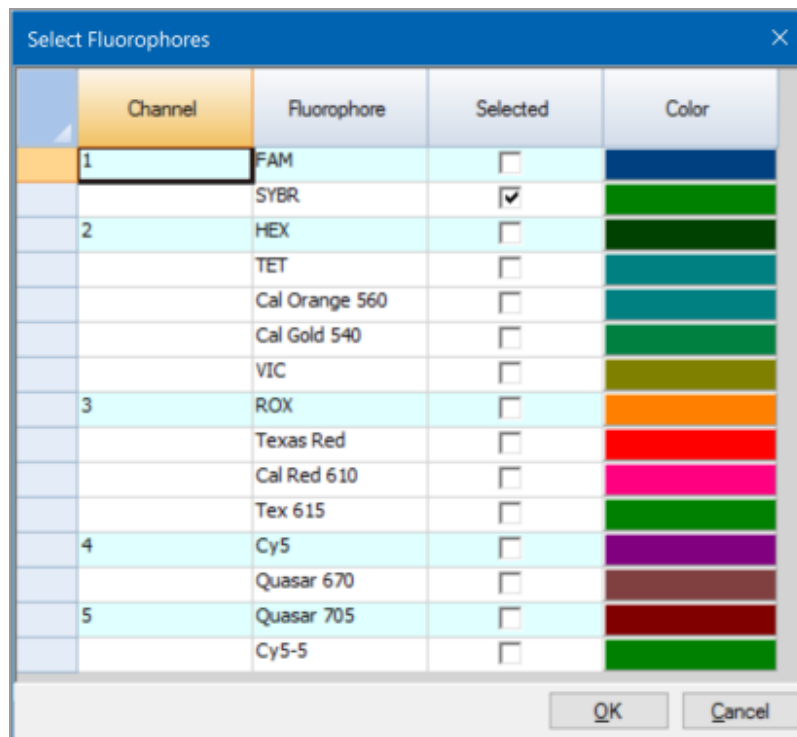
### Konfiguracja nowej płytki

1. Otworzyć nową płytkę w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
2. Aby ustawić wielkość płytki, wybrać Settings (Ustawienia) > Plate Size (Wielkość płytki) i wybrać odpowiednią wielkość płytki z menu rozwijanego.
3. Aby ustawić typ płytki, wybrać Settings (Ustawienia) > Plate Type (Typ płytki) i wybrać opcję BR White (Biała) lub BR Clear (Przezroczysta) z menu rozwijanego.
4. Opcjonalnie w menu Settings (Ustawienia) można zmienić konwencję prezentowania liczb oraz wyświetlane jednostki:
  - Aby zmienić sposób prezentowania liczb, wybrać Settings (Ustawienia) > Number Convention (Konwencja liczb) i wybrać opcję (Notacja naukowa).

**Wskazówka:** Opcja Scientific Notation (Notacja naukowa) jest wybrana domyślnie. W tym przypadku wybór opcji Scientific Notation (Notacja naukowa) powoduje wyczyszczenie zaznaczenia opcji domyślnej i ustawia konwencję liczb na format standardowy.
  - Aby zmienić wyświetlane jednostki, wybrać Settings (Ustawienia) > Units (Jednostki) i wybrać nową wartość jednostek.

5. Aby ustawić tryb skanowania, wybrać odpowiedni tryb skanowania z listy rozwijanej Scan Mode (Tryb skanowania) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
6. Wybrać wymagane fluorofory dla płytki:
  - a. W prawym panelu kliknąć Select Fluorophores (Wybierz fluorofory).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Select Fluorophores (Wybierz fluorofory). Widoczne są fluorofory dostępne dla typu trybu skanowania wybranego w sekcji [Krok 5](#), np.:



- b. Aby wybrać fluorofor, kliknąć jego pole wyboru Selected (Wybrany).
 

**Wskazówka:** Aby usunąć fluorofor z listy, usunąć zaznaczenie jego pola wyboru Selected (Wybrany).
- c. Aby zmienić wyświetlany kolor fluoroforu, kliknąć jego pole Color (Kolor).
 

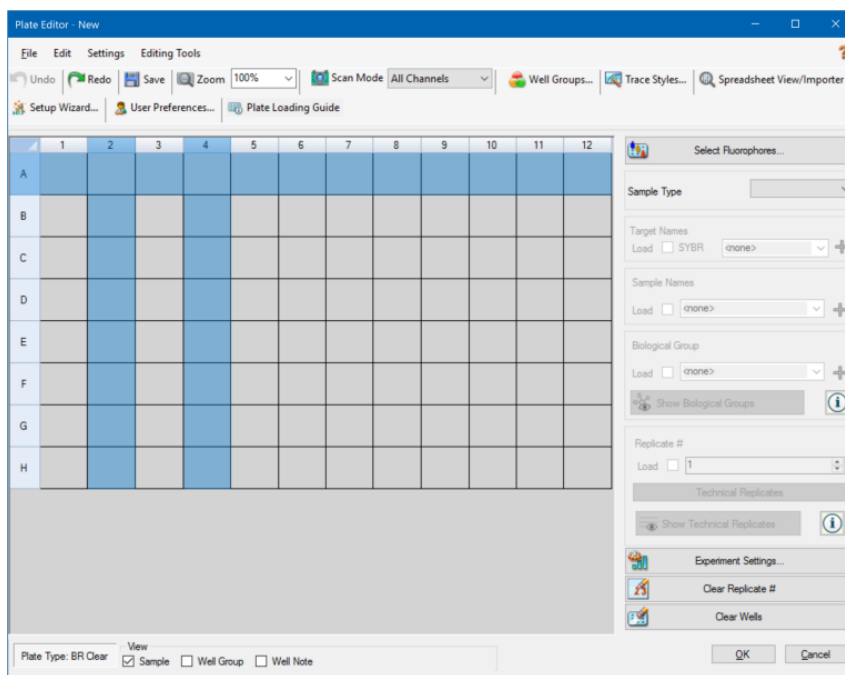
**Uwaga:** Wybrany kolor będzie oznaczał dany fluorofor zarówno w oknie Plate Editor (Edytor płytki), jak i na wykresach Data Analysis (Analiza danych).
- d. W oknie dialogowym Color (Kolor) wybrać potrzebny kolor lub kliknąć Define Custom Colors (Definiuj kolory niestandardowe), aby utworzyć nowy kolor oznaczający dany fluorofor.

- e. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i wyjść z okna dialogowego Select Fluorophores (Wybierz fluorofory).
7. Konieczne jest wybranie co najmniej jednej studzienki, do której ma być załadowany dany typ próbki. Domyślnie wybrana jest studzienka A1.

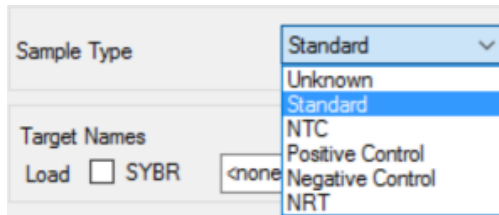
W panelu płytki wykonać jedną z następujących czynności:

- Aby załadować wiele sąsiednich studzienek, kliknąć studzienkę i przeciągnąć ją do studzienki docelowej.
- Aby załadować wiele niesąsiadujących studzienek, nacisnąć klawisz Ctrl i klikać każdą studzienkę.
- Aby załadować całą kolumnę tym samym typem próbki, kliknąć numer kolumny.
- Aby załadować cały rząd, kliknąć jego numer.
- Aby załadować całą płytkę, kliknąć jej górny lewy róg.

Na przykład:



8. Do wybranej studzienki (lub studzienek) przypisać typ próbki z menu rozwijanego Sample Type (Typ próbki).

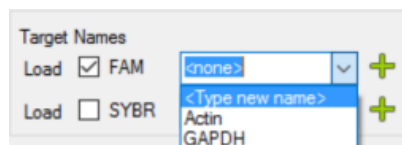


9. Przypisać co najmniej jeden fluorofor do wszystkich studzienek zawierających dany typ próbki. Można przypisać więcej niż jeden fluorofor do studzienki lub grupy studzienek.

**Uwaga:** Można przypisać tylko jeden fluorofor na kanał. Nie można przypisać więcej niż jednego fluoroforu z tego samego kanału do tej samej studzienki.

**Wskazówka:** Można powiązać gen docelowy z fluoroforem lub można w tym momencie jedynie przypisać fluorofor do studzienki, a gen docelowy powiązać z fluoroforem po wykonaniu eksperymentu.

- Aby jedynie przypisać fluorofor do wybranych studzienek, w części Target Names (Nazwy genów docelowych) w prawym panelu zaznaczyć pole wyboru Load (Załaduj) dla określonego fluoroforu.
- Aby powiązać docelowy gen z fluoroforem, w części Target Names (Nazwy genów docelowych) wybrać nazwę genu docelowego z listy rozwijanej dla określonego fluoroforu. Oprogramowanie automatycznie zaznaczy jego pole wyboru Load (Załaduj).



10. W przypadku studzienek zawierających próbki typu Standard (Wzorzec) musi zostać załadowane stężenie. Każda studzienka może mieć inną wartość stężenia. Domyślnie oprogramowanie CFX Maestro Dx SE załadowuje stężenie 1,00E+06 w przypadku wszystkich studzienek z typem próbki Standard (Wzorzec). W razie potrzeby można zmienić tę wartość.
- a. W panelu płytki wybrać studzienkę lub grupę studzienek Standard (Wzorzec).
  - b. W części Concentration (Stężenie) kliknąć Load (Załaduj), aby załadować wartość do wybranej studzienki (lub studzienek).
  - c. (Opcjonalnie) Aby załadować inne stężenie, wpisać nową wartość w polu tekstowym Concentration (Stężenie) i nacisnąć Enter.

- d. Wykonać tę czynność dla wszystkich studzienek z typem próbki Standard (Wzorzec).

**Wskazówka:** Aby załadować takie samo stężenie do wszystkich studzienek Standard (Wzorzec), zapewnić, że na liście rozwijanej pod wartością Concentration (Stężenie) widoczna jest opcja <All> (Wszystko). Aby załadować tę samą wartość stężenia do wszystkich studzienek z danym fluoroforem, kliknąć listę rozwijaną i wybrać fluorofor.

- 11. Kliknąć OK, aby zapisać nową płytkę.

## Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w narzędziu Plate Editor Tool

W sekcji [Tabela 9](#) wyszczególniono pozycje menu dostępne w narzędziu Plate Editor, które pojawia się po kliknięciu prawym przyciskiem myszy dowolnej studzienki w tym narzędziu. To menu pojawia się także w widoku Spreadsheet View/Importer (Widok arkusza kalkulacyjnego/Importer).

**Tabela 9. Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w narzędziu Plate Spreadsheet View/Importer Tool (Podgląd/importer arkusza kalkulacyjnego płytek)**

Pozycja	Funkcja
Copy (Kopiuj)	Służy do kopiowania całego arkusza kalkulacyjnego.
Copy as Image (Kopiuj jako obraz)	Umożliwia skopiowanie arkusza kalkulacyjnego w postaci pliku graficznego.
Print (Drukuj)	Umożliwia wydrukowanie arkusza kalkulacyjnego.
Print Selection (Drukuj wybór)	Drukowanie tylko wybranych studzienek
Export to Excel (Eksportuj do Excel)	Umożliwia eksport pliku do arkusza kalkulacyjnego Excel.
Export to CSV (Eksportuj do CSV)	Umożliwia eksport pliku do pliku .csv.
Export to Xml (Eksportuj do Xml)	Umożliwia eksport pliku do pliku .xml.
Export to Html (Eksportuj do Html)	Umożliwia eksport pliku do pliku .html.
Find (Znajdź)	Umożliwia wyszukanie konkretnego tekstu.
Sort (Sortuj)	Umożliwia sortowanie arkusza kalkulacyjnego poprzez wybranie trzech kolumn danych w oknie Sort (Sortuj).

## Przypisywanie parametrów opcjonalnych do pliku płytki

Plik płytki zawiera informacje dotyczące zawartości każdej studzienki, do której została załadowana próbka przeznaczona do analizy. Po analizie CFX Maestro Dx SE łączy zawartości studzienek z danymi fluorescencji zgromadzonymi podczas protokołu, a następnie wykonuje odpowiednie analizy w oknie Data Analysis (Analiza danych).

W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE można przypisać parametry do poszczególnych studzienek na płycie przed uruchomieniem eksperymentów, w czasie ich trwania, a także po ich wykonaniu. Parametry można przypisywać do istniejącego pliku próbki lub do nowego pliku próbki. Do tych parametrów należą między innymi następujące:

- **Nazwy sekwencji docelowych** — sekwencja lub sekwencje stanowiące przedmiot zainteresowania (geny lub sekwencje) w każdej studzience, do której została załadowana próbka.
- **Nazwy próbek** — identyfikator lub warunek, który odpowiada próbce w każdej studzience, do której załadowano próbkę, na przykład mouse1, mouse2 lub mouse3.
- **Grupy biologiczne** — identyfikator lub warunek, który odpowiada grupie studzienek — na przykład 0Hr, 1Hr lub 2Hr.

**Wskazówka:** Nazwy sekwencji docelowych, nazwy próbek oraz grupy biologiczne muszą być takie same między studzienkami, aby możliwe było porównywanie danych na zakładce Gene Expression (Ekspresja genu) w oknie Data Analysis (Analiza danych). Każda nazwa musi zawierać takie same litery, takie same znaki interpunkcyjne i takie same odstępy. Na przykład „Actin” to nie to samo, co „actin”, „2Hr” to nie to samo, co „2 hr”, a „Mouse 1” to nie to samo, co „mouse1”. Aby zapewnić spójność nazewnictwa, należy wprowadzać nazwy w sekcji Libraries (Biblioteki) w oknie User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika) > Plate (Płytki), dostępnym w oknie Home (Strona główna).

- **Replikaty techniczne** — każda studzienka używana w celu analizowania tej samej kombinacji próbki i sekwencji docelowej; czyli powtórzenie reakcji qPCR.
- **Serie rozcieńczeń** — stopień zmiany stężenia próbki standardowej w grupie replikatów wymagany w celu utworzenia krzywej standardowej do analizy.

## Przypisywanie docelowego genu do studzienek

**Wskazówka:** Do jednej lub wielu studzienek można przypisać tę samą nazwę sekwencji docelowej. Do tej samej studzienki można również przypisać wiele sekwencji docelowych.

**Ważne:** Kliknięcie przycisku OK po przypisaniu sekwencji docelowych spowoduje zapisanie zmian i wyłączy opcję Undo (Cofnij) na pasku narzędzi w obszarze Plate Editor (Edytor płytki). Przed kliknięciem przycisku OK należy rozważyć ewentualne konsekwencje.

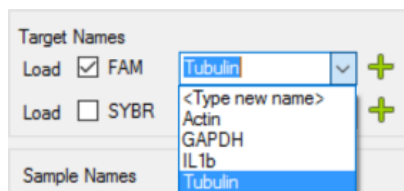


### Aby przypisać sekwencję docelową do studzienki lub grupy studzienek

1. W oknie Plate Editor (Edytor płytki) upewnić się, że dla studzienki lub grupy studzienek przypisano typ próbki.

Informacje na temat przypisywania typów próbek do studzienek zawiera rozdział [Wybieranie typów próbek na stronie 145](#).

2. W panelu płytki wybrać studzienkę lub grupę studzienek:
  - Aby wybrać pojedynczą studzienkę, należy ją kliknąć.
  - Aby wybrać wiele sąsiednich studzienek, należy kliknąć studzienkę i przeciągnąć kursor do studzienki docelowej.
  - Aby wybrać wiele niesąsiadujących studzienek, nacisnąć klawisz Ctrl i klikać każdą studzienkę.
  - Aby wybrać całą kolumnę z tym samym typem próbki, kliknąć numer kolumny.
  - Aby wybrać cały rząd, kliknąć jego numer.
3. W prawym panelu wybrać nazwę z listy rozwijanej Target Name (Nazwa sekwencji docelowej) dla poszczególnych wybranych fluoroforów.



4. Powtórzyć [Krok 3](#) dla każdej studzienki lub grupy studzienek, do których planowane jest przypisanie sekwencji docelowej.

**Wskazówka:** Do każdego wybranego fluoroforu można przypisać tę samą nazwę lub różne nazwy sekwencji docelowych.

5. Kliknąć przycisk OK, aby zaakceptować zmiany i zapisać płytkę.

**Uwaga:** W razie omyłkowej zmiany płytki należy przed kliknięciem OK (co powoduje zaakceptowanie zmian) kliknąć opcję Undo (Cofnij) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

### Aby usunąć nazwę sekwencji docelowej

- ▶ Aby usunąć nazwę sekwencji docelowej z wybranej studzienki albo grupy studzienek, należy usunąć zaznaczenie pola wyboru Load (Ładuj) dla konkretnej studzienki.

**Ważne:** Usunięcie nazwy sekwencji docelowej ze studzienki powoduje również usunięcie skojarzonego fluoroforu. W przypadku usuwania nazwy sekwencji docelowej ze studzienki należy zachować ostrożność.

### Aby dodać nazwę sekwencji docelowej do listy

- ▶ Aby dodać nazwę sekwencji docelowej do listy rozwijanej, należy wykonać jedną z poniższych czynności:
  - Wpisać nazwę do listy rozwijanej Target Name (Nazwa sekwencji docelowej) i nacisnąć klawisz Enter.
- **Wskazówka:** Nazwy sekwencji docelowych dodane do jednej listy będą widoczne we wszystkich pozostałych listach sekwencji docelowych.
- Kliknąć zielony symbol + po prawej stronie listy rozwijanej, wpisać nazwę dla sekwencji docelowej i nacisnąć klawisz Enter.
- Kliknąć opcję User Preferences (Preferencje użytkownika) na pasku narzędzi, a następnie dodać nazwę do biblioteki Target Names (Nazwy sekwencji docelowych) na zakładce Plate (Płytki).

**Ważne:** Nazwy sekwencji docelowych dodane do listy rozwijanej są dostępne tylko dla bieżącej płytki i tylko po przypisaniu nazwy do studzienki i zapisaniu układu płytki. Jeśli nazwa nie zostanie przypisana do studzienki, a układ płytki nie zostanie zapisany, wówczas nazwa nie zostanie zapisana i nie będzie dostępna w przyszłości. Aby nazwę sekwencji docelowej dodać na stałe, należy ją również dodać do biblioteki Target Names (Nazwy sekwencji docelowych), korzystając z okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika). Nazwy dodane do biblioteki będą dostępne po ponownym otwarciu okna Plate Editor (Edytor płytki). Więcej informacji zawiera sekcja [Ustawianie domyślnych parametrów płytki na stronie 94](#).

### Aby usunąć nazwę sekwencji docelowej z listy

1. Kliknąć opcję User Preferences (Preferencje użytkownika) na pasku narzędzi.

Pojawi się okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika) z wyświetloną zakładką Plate (Płytki).
2. W bibliotece Target Names (Nazwy sekwencji docelowych) należy wybrać nazwę do usunięcia i nacisnąć klawisz Delete.
3. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać zmiany i wyjść z okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika).

**Ważne:** Nazwy sekwencji docelowych, które zostały zapisane z plikiem płytki, nie mogą być usuwane. Nazwy niestandardowe dodane do listy rozwijanej Target Names (Nazwy sekwencji docelowych), które nie są używane ani nie zostały zapisane z płytką, są automatycznie usuwane

z listy. Nazwy, które są usuwane z biblioteki Target Names (Nazwy sekwencji docelowych), są też trwale usuwane z oprogramowania i nie są już dostępne dla użytkowników. Przed usunięciem nazw sekwencji docelowych należy rozważyć ewentualne konsekwencje takiego działania.

## Przypisywanie nazwy próbki do studzienek

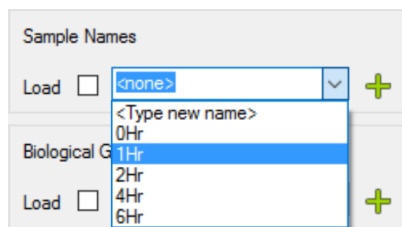
**Uwaga:** W celu przypisania nazwy próbki należy przypisać do wybranych studzienek co najmniej jeden fluorofor. Jeśli do wybranych studzienek nie zostanie przypisany fluorofor, lista rozwijana Sample Names (Nazwy próbek) zostanie wyłączona. Informacje na temat przypisywania fluoroforów zawiera sekcja [Przypisywanie docelowego genu do studzienek na stronie 151](#).

**Wskazówka:** Do każdej studzienki lub grupy studzienek można przypisać tylko jedną nazwę próbki.

### Aby przypisać nazwę próbki do studzienki lub grupy studzienek

1. W oknie Plate Editor (Edytor płytki) upewnić się, że do studzienki lub grupy studzienek przypisano fluorofor.
2. W panelu płytki wybrać studzienkę lub grupę studzienek.
3. W panelu po prawej stronie wybrać nazwę na liście rozwijanej Sample Names (Nazwy próbek).

Oprogramowanie automatycznie zaznaczy jego pole wyboru Load (Załaduj).



4. Powtórzyć [Krok 3](#) dla każdej studzienki lub grupy studzienek, do których planowane jest przypisanie nazwy próbki.
5. Kliknąć przycisk OK, aby zaakceptować zmiany i zapisać płytkę.

**Uwaga:** W razie omyłkowej zmiany płytki należy przed kliknięciem OK (co powoduje zaakceptowanie zmian) kliknąć opcję Undo (Cofnij) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

### Aby usunąć nazwę próbki

- ▶ Aby usunąć nazwę próbki z wybranej studzienki albo grupy studzienek, należy usunąć zaznaczenie pola wyboru Load (Ładuj) dla konkretnej studzienki.

### Aby dodać nazwę próbki do listy

- ▶ Aby dodać nazwę próbki do listy rozwijanej, należy wykonać jedną z poniższych czynności:
  - Wpisać nazwę do listy rozwijanej Sample Names (Nazwa próbki) i nacisnąć klawisz Enter.
  - Kliknąć zielony symbol + po prawej stronie listy rozwijanej i wpisać nazwę dla próbki.
  - Kliknąć opcję User Preferences (Preferencje użytkownika) na pasku narzędzi, a następnie dodać nazwę do biblioteki Sample Names (Nazwy próbek) na zakładce Plate (Płytki).

**Ważne:** Nazwy próbek dodane do listy rozwijanej są dostępne tylko dla bieżącej płytki i tylko po przypisaniu nazwy do studzienki i zapisaniu układu płytki. Jeśli nazwa nie zostanie przypisana do studzienki, a układ płytki nie zostanie zapisany, wówczas nazwa nie zostanie zapisana i nie będzie dostępna w przyszłości. Aby nazwę próbki dodać na stałe, należy ją również dodać do biblioteki Sample Names (Nazwy próbek), korzystając z okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika). Nazwy dodane do biblioteki będą dostępne po ponownym otwarciu okna Plate Editor (Edytor płytki). Więcej informacji zawiera sekcja [Ustawianie domyślnych parametrów płytki na stronie 94](#).

### Aby usunąć nazwę próbki z listy

1. Kliknąć opcję User Preferences (Preferencje użytkownika) na pasku narzędzi.  
Pojawi się okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika) z wyświetloną zakładką Plate (Płytki).
2. W bibliotece Sample Names (Nazwy próbek) należy wybrać nazwę do usunięcia i nacisnąć klawisz Delete.
3. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać zmiany i wyjść z okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika).

**Ważne:** Nazwy próbek, które zostały zapisane z plikiem płytki, nie mogą być usuwane. Nazwy niestandardowe dodane do listy Sample Names (Nazwy próbek), które nie są używane ani nie zostały zapisane z płytką, są automatycznie usuwane z listy rozwijanej. Nazwy, które są usuwane z biblioteki Sample Names (Nazwy próbek), są też usuwane z oprogramowania i nie są już dostępne dla użytkowników. Przed usunięciem nazw próbek należy rozważyć ewentualne konsekwencje takiego działania.

## Przypisywanie grup biologicznych do studzienek

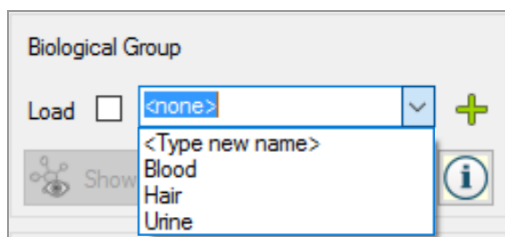
**Uwaga:** W celu przypisania grupy biologicznej należy przypisać do wybranych studzienek co najmniej jeden fluorofor. Przypisanie fluoroforu powoduje włączenie listy rozwijanej Biological Groups (Grupy biologiczne). Informacje na temat przypisywania fluoroforów zawiera sekcja [Przypisywanie docelowego genu do studzienek na stronie 151](#).

**Wskazówka:** Do każdej studzienki lub grupy studzienek można przypisać jedną grupę biologiczną.

#### Aby przypisać grupę biologiczną do studzienki lub grupy studzienek

1. W oknie Plate Editor (Edytor płytki) upewnić się, że do studzienki lub grupy studzienek przypisano fluorofor.
2. W panelu płytki wybrać studzienkę lub grupę studzienek.
3. W prawym okienku, należy wybrać z listy rozwijanej Biological Group (Grupa biologiczna).

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE automatycznie zaznaczy odpowiednie pole wyboru Load (Załaduj).



4. Powtórzyć [Krok 3](#) dla każdej studzienki lub grupy studzienek, do których wymagane jest przypisanie grupy biologicznej.
5. Kliknąć przycisk OK, aby zaakceptować zmiany i zapisać płytkę.

**Uwaga:** W razie omyłkowej zmiany płytki należy przed kliknięciem OK (co powoduje zaakceptowanie zmian) kliknąć opcję Undo (Cofnij) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

#### Aby usunąć grupę biologiczną

- ▶ Aby usunąć grupę biologiczną z wybranej studzienki lub grupy studzienek, należy usunąć zaznaczenie odpowiedniego pola wyboru Load (Ładuj).

#### Aby dodać grupę biologiczną do listy

- ▶ Aby dodać grupę biologiczną do listy rozwijanej, należy wykonać jedną z następujących czynności:
  - Wpisać nazwę do pola rozwijanego Biological Group (Grupa biologiczna) i nacisnąć klawisz Enter.
  - Kliknąć zielony symbol + po prawej stronie listy rozwijanej i wpisać nazwę dla grupy biologicznej.
  - Kliknąć opcję User Preferences (Preferencje użytkownika) na pasku narzędzi, a następnie dodać nazwę do biblioteki Biological Group Names (Nazwy grup biologicznych) na zakładce Plate (Płytki).

**Ważne:** Nazwy grup biologicznych dodane do listy rozwijanej są dostępne tylko dla bieżącej płytki i tylko po przypisaniu nazwy do studzienki i zapisaniu układu płytki. Jeśli nazwa nie zostanie przypisana do studzienki, a układ płytki nie zostanie zapisany, wówczas nazwa nie zostanie zapisana i nie będzie dostępna w przyszłości. Aby nazwę grupy biologicznej dodać na stałe, należy ją również dodać do biblioteki Biological Group Names (Nazwy grup biologicznych), korzystając z okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika). Nazwy dodane do biblioteki będą dostępne po ponownym otwarciu okna Plate Editor (Edytor płytki). Więcej informacji zawiera sekcja [Ustawianie domyślnych parametrów płytki na stronie 94](#).

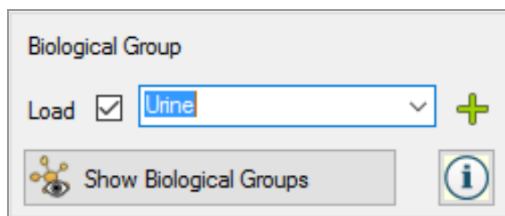
### Aby usunąć nazwę grupy biologicznej z listy

1. Kliknąć opcję User Preferences (Preferencje użytkownika) na pasku narzędzi.  
Pojawi się okno dialogowe User Preferences (Preferencje użytkownika) z wyświetloną zakładką Plate (Płytki).
2. W bibliotece Biological Group Names (Nazwy grup biologicznych) należy wybrać nazwę do usunięcia i nacisnąć klawisz Delete.
3. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać zmiany i wyjść z okna dialogowego User Preferences (Preferencje użytkownika).

**Ważne:** Nazwy grup biologicznych, które zostały zapisane z plikiem płytki, nie mogą być usuwane. Nazwy niestandardowe dodane do listy rozwijanej Biological Group Names (Nazwy grup biologicznych), które nie są używane ani nie zostały zapisane z płytką, są automatycznie usuwane z listy. Nazwy, które są usuwane z biblioteki Biological Group Names (Nazwy grup biologicznych), są również trwale usuwane z oprogramowania i nie są już dostępne dla użytkowników. Przed usunięciem nazw biologicznych należy rozważyć ewentualne konsekwencje takiego działania.

### Aby wyświetlać wszystkie grupy biologiczne na płytce

- Aby wyświetlić wszystkie grupy biologiczne na płytce, należy kliknąć opcję Show Biological Groups (Pokaż grupy biologiczne).



Każda grupa zostanie oznaczona osobnym kolorem, a opcja Show Biological Groups (Pokaż grupy biologiczne) zmieni się w opcję Hide Biological Groups (Ukryj grupy biologiczne).

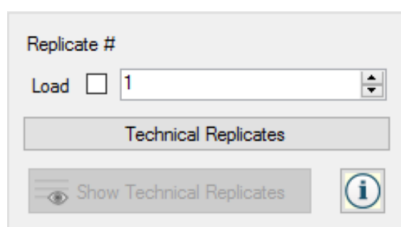
Aby usunąć kolory ze studzienek, należy kliknąć opcję Hide Biological Groups (Ukryj grupy biologiczne). Zamiast tego można kliknąć dowolną studzienkę na płytce, aby ukryć grupy biologiczne.

## Przypisywanie numerów replikatów technicznych do studzienek

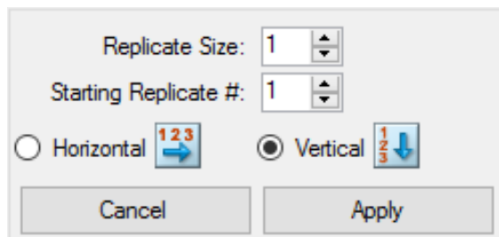
**Ważne:** Aby możliwe było przypisanie numerów replikatów technicznych, wybrane studzienki muszą mieć identyczną zawartość. Oznacza to, że wybrane studzienki muszą mieć ten sam typ próbki i ten sam fluorofor. Jeśli ma to zastosowanie, muszą też mieć przypisane takie same nazwy docelowych genów i nazwy próbek oraz taką samą grupę biologiczną. Jeśli te wartości nie są identyczne, oprogramowanie CFX Maestro Dx SE nie włączy tej opcji.

### Przypisanie numerów replikatów technicznych do grupy studzienek

1. W oknie Plate Editor (Edytor płytki) sprawdzić, czy studzienki w obrębie grupy mają identyczną zawartość.
2. W panelu płytki wybrać docelową grupę studzienek.
3. Aby przypisać ten sam numer replikatu do wszystkich wybranych studzienek, wpisać numer replikatu w polu w części Replicate # (Nr replikatu) w prawym panelu i zaznaczyć pole Load (Załaduj).



4. (Opcjonalnie) Aby zastosować serię replikatów do zestawu wybranych studzienek:
  - a. Kliknąć opcję Technical Replicates (Replikaty techniczne). Część Replicate # (Nr replikatu) zmieni się, wyświetlając następujące opcje:



- **Replicate size** (Wielkość replikatu) — liczba określająca liczbę studzienek w każdej grupie replikatów.

- **Starting replicate #** (Nr replikatu początkowego) — pierwszy numer w serii replikatów dla wybranej grupy replikatów.

**Uwaga:** Domyślnie CFX Maestro Dx SE wyświetla numer początkowego replikatu jako numer o jeden większy niż numer ostatniego replikatu technicznego przypisanego na płytce. Na przykład jeśli numer ostatniego replikatu technicznego na płytce to pięć, to kolejny numer początkowy wynosi sześć. Początkowy numer można zmienić na dowolny numer, który nie jest jeszcze przypisany.

- Kolejność ładowania — Horizontal (W poziomie) lub Vertical (W pionie).

- b. Kliknąć Apply (Zastosuj), aby zastosować parametry do serii i powrócić do okna Replicate # (Nr replikatu).

5. Kliknąć przycisk OK, aby zaakceptować zmiany i zapisać płytkę.

**Uwaga:** W razie omyłkowej zmiany płytki należy przed kliknięciem OK (co powoduje zaakceptowanie zmian) kliknąć opcję Undo (Cofnij) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

#### Usunięcie studzienki z serii replikatów

- ▶ Wybrać studzienkę lub grupę studzienek do usunięcia i odznaczyć pole Load (Załaduj) przy opcji Replicate # (Nr replikatu).

Zamiast tego można kliknąć Clear Replicate # (Usuń nr replikatu), aby usunąć numer replikatu dla wybranej studzienki lub grupy studzienek.

#### Wyświetlenie wszystkich replikatów technicznych na płytce

- ▶ Kliknąć Show Technical Replates (Pokaż replikaty techniczne), aby przeglądać wszystkie replikaty techniczne na płytce.

Każda grupa jest oznaczona osobnym kolorem, a przycisk Show Technical Replicates zmienia się na Hide Technical Replicates (Ukryj replikaty techniczne).

Kliknąć Hide Technical Replicates, aby usunąć oznaczenie barwne ze studzienek. Zamiast tego można kliknąć dowolną studzienkę na płytce, aby ukryć replikaty techniczne.

## Przypisywanie serii rozcieńczeń do typów próbek Standard (Wzorzec)

Jak już stwierdzono wyżej, wszystkie studzienki z typem próbki Standard (Wzorzec) muszą mieć przypisaną wartość stężenia. Można przypisać serie rozcieńczeń do wielu studzienek z typem próbki Standard (Wzorzec).

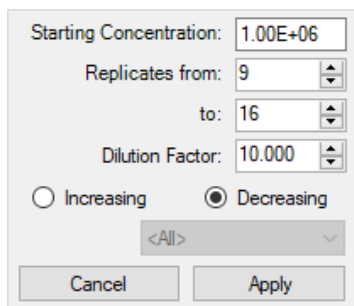


**Uwaga:** W celu przypisania serii rozcieńczeń do grupy studzienek, studzienki muszą być ujęte w serii replikatów technicznych. Informacje o dodawaniu studzienek do serii replikatów zamieszczono w rozdziale [Przypisywanie numerów replikatów technicznych do studzienek na stronie 158](#).

### Przypisanie serii rozcieńczeń do grupy studzienek z próbkami Standard (Wzorzec)

1. W oknie Plate Editor (Edytor płytki) sprawdzić, czy spełnione są następujące wymagania:
  - Typ próbki dla grupy studzienek to Standard (Wzorzec).
  - Wszystkie studzienki w grupie mają przypisany co najmniej jeden fluorofor i wszystkie zawierają te same fluorofory.
  - Wszystkie studzienki w grupie są ujęte w tej samej serii replikatów technicznych.

**Uwaga:** CFX Maestro Dx SE udostępnia opcję Dilution Series (Serie rozcieńczeń), jedynie gdy wszystkie wybrane studzienki spełniają te kryteria.
2. W panelu płytki wybrać docelową grupę studzienek.
3. Kliknąć opcję Dilution Series (Serie rozcieńczeń) w części Concentration (Stężenie) w prawym panelu. Część Concentration (Stężenie) zmieni się, wyświetlając następujące opcje:



Starting Concentration: 1.00E+06  
Replicates from: 9  
to: 16  
Dilution Factor: 10.000  
 Increasing  Decreasing  
<All>  
Cancel Apply

- **Starting concentration** (Stężenie początkowe) — wartość stężenia, od której rozpoczyna się seria.
  - **Replicates from and to** (Replikaty od i do) — replikaty z serii, do których będzie stosowany współczynnik rozcieńczenia.
  - **Dilution factor** (Współczynnik rozcieńczenia) — wielkość zmiany stężenia w obrębie każdej grupy replikatów.
4. Ustawić wartości w poszczególnych opcjach lub zaakceptować wartości domyślne.
  5. Domyślnie seria rozcieńczeń zmniejsza się stopniowo o współczynnik rozcieńczenia. Wybrać opcję Increasing (Zwiększanie), aby zwiększać serie rozcieńczeń.

6. (Opcjonalnie) Domyślnie współczynnik rozcieńczenia jest stosowany do wszystkich fluoroforów w serii replikatów. Jeśli seria zawiera więcej niż jeden fluorofor a rozcieńczenie ma być stosowane do pojedynczego fluoroforu, należy wybrać go z listy rozwijanej.
7. Kliknąć Apply (Zastosuj), aby zastosować serie rozcieńczeń do grupy studzienek i powrócić do widoku Concentration (Stężenie).
8. Kliknąć przycisk OK, aby zaakceptować zmiany i zapisać płytkę.

## Kopiowanie zawartości studzienki do innej studzienki

Zawartość studzienki można skopiować i wkleić do innej studzienki albo do wielu studzienek. Jednak kopiowanie jest możliwe tylko z jednej studzienki. Nie można wybierać wielu studzienek, a następnie kopiować ich zawartości.

### Aby skopiować zawartość studzienki do innej studzienki

1. W panelu płytki wybrać studzienkę, której zawartość zostanie skopiowana.
2. Kliknąć prawym przyciskiem myszy studzienkę i wybrać opcję Copy Well (Kopiuj studzienkę).
3. Wybrać studzienkę lub studzienki, do których zawartość zostanie wklejona:
  - Aby wybrać pojedynczą studzienkę, kliknąć ją.
  - Aby wybrać wiele sąsiednich studzienek, należy kliknąć studzienkę i przeciągnąć kursor do studzienki docelowej.
  - Aby wybrać wiele niesąsiadujących studzienek, nacisnąć klawisz Ctrl i klikać każdą studzienkę.
4. Po wybraniu studzienek docelowych kliknąć prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Paste Well (Wklej studzienkę).

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE skopiuje zawartość pierwszej studzienki do wybranych studzienek.

## Dodawanie uwagi do studzienki

Do studzienki można dodać uwagę opisową. Uwagi dotyczące studzienki można przejrzeć na zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) w oknie Data Analysis (Analiza danych).

### Aby dodać uwagę do studzienki

1. W panelu płytki wybrać studzienkę lub studzienki, do których planowane jest dodanie uwagi.
2. W sekcji View (Widok) panelu dolnego wybrać opcję Well Note (Uwaga do studzienki).

Obszar Well Note (Uwaga do studzienki) zostanie wyświetlony w prawym panelu.



3. Wpisać zawartość uwagi do pola tekstowego i nacisnąć klawisz Enter.

Tekst pojawi się u dołu wybranych studzienek.

**Wskazówka:** Jeśli uwaga dotycząca studzienki została utworzona wcześniej, można ją wybrać z listy rozwijanej i zastosować do wybranych studzienek.

## Usuwanie całej zawartości ze studzienek

Można usunąć całą zawartość pojedynczej studzienki, grupy studzienek lub całej płytki. Takie wyczyszczenie studzienek nie powoduje usunięcia danych fluorescencyjnych zebranych podczas odczytu płytki.

**Ważne:** Wyczyszczenie studzienki powoduje trwałe usunięcie zawartości ze studzienki. Jeśli po wyczyszczeniu studzienki zostanie kliknięty przycisk OK i płytka zostanie zapisana, nie można będzie już cofnąć operacji czyszczenia. Zachować ostrożność podczas czyszczenia studzienek.

### Usunięcie wszystkich ustawień ze studzienek

1. W panelu płytki w oknie Plate Editor (Edytor płytki) wybrać studzienkę lub grupę studzienek:
  - Aby wybrać pojedynczą studzienkę, kliknąć ją.
  - Aby wybrać wiele sąsiednich studzienek, należy kliknąć studzienkę i przeciągnąć kursor do studzienki docelowej.
  - Aby wybrać wiele niesąsiadujących studzienek, nacisnąć klawisz Ctrl i klikać każdą studzienkę.
  - Aby wybrać całą kolumnę z tym samym typem próbki, kliknąć numer kolumny.
  - Aby wybrać cały rząd, kliknąć jego numer.
2. W prawym panelu kliknąć Clear Wells (Czyść studzienki).

CFX Maestro Dx SE usuwa wszystkie ustawienia z wybranych studzienek.
3. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Jeśli studzienki zostały wyczyszczone w wyniku błędu, to przed kliknięciem OK (co powoduje zaakceptowanie zmian) kliknąć opcję Undo (Cofnij) na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

**Ważne:** Kliknięcie OK przed kliknięciem Undo (Cofnij) spowoduje zapisanie zmian i wyłączenie przycisku Undo na pasku narzędzi w oknie Plate Editor.
  - Kliknąć przycisk OK, aby zaakceptować zmiany i zapisać płytkę.

## Zmiana ustawień eksperymentu

W oknie dialogowym Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) można przeglądać i zmieniać wykaz sekwencji docelowych, próbek lub grup biologicznych, a także ustawiać grupy próbek do analizy ekspresji genów, pod warunkiem że grupy biologiczne zostały przypisane do studzienek w płytce.

W oknie dialogowym Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) zakładka Targets (Sekwencje docelowe) zawiera listę nazw sekwencji docelowych dla każdej reakcji PCR, na przykład geny docelowe lub sekwencje genów będące przedmiotem zainteresowania.

Zakładka Samples (Próbki) i Biological Groups (Grupy biologiczne) zawiera listę nazw próbek i grup biologicznych, które wskazują źródło sekwencji docelowej, na przykład próbka pobrana w czasie 1 godziny (1Hr) lub od konkretnego osobnika (mouse1)

### Aby zmienić ustawienia płytki, korzystając z okna dialogowego Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu)

1. Aby otworzyć okno dialogowe Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu), należy wykonać jedną z następujących czynności:
  - W okienku po prawej stronie obszaru Plate Editor (Edytor płytki) kliknąć opcję Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).
  - W zakładce Gene Expression (Ekspresja genu) okna Data Analysis (Analiza danych) kliknąć opcję Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu), w którym widoczna będzie zawartość zakładki Targets (Sekwencje docelowe).

The screenshot shows the 'Experiment Settings' dialog box with the 'Targets' tab selected. The table below lists the current targets:

	Name	Full Name	Reference	Select To Remove
1	Actin	Actin	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
2	GAPDH	GAPDH	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
3	IL1-b	IL1-b	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
4	Tubulin	Tubulin	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Below the table, there is a 'New:' input field with an 'Add' button and a 'Remove checked item(s)' button. There is also a checkbox for 'Show Analysis Settings'. Under the heading 'Exclude the following sample types from Gene Expression analysis:', there are checkboxes for NTC (checked), NRT, Negative Control, Positive Control, and Standard.

2. W celu dodania nowej nazwy dla sekwencji docelowej, próbki lub grupy biologicznej, na odpowiedniej zakładce należy wpisać nazwę w polu tekstowym New (Nowe), a następnie kliknąć przycisk Add (Dodaj).
3. Aby z listy usunąć nazwy co najmniej jednej sekwencji docelowej, próbki lub grupy biologicznej, na odpowiedniej zakładce należy zaznaczyć pole wyboru konkretnego elementu w kolumnie Select to Remove (Zaznacz do usunięcia), a następnie kliknąć opcję Remove checked item(s) (Usuń wybrane elementy).
4. Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE wyklucza próbki typu NTC (kontrola bez matrycy) z analizy ekspresji genów.

W celu uwzględnienia typów próbek NTC należy usunąć pole wyboru konkretnego typu w sekcji Exclude the following sample types (Wyklucz następujące typy próbek). Zaznaczając odpowiednie pola wyboru, można wykluczyć następujące typy próbek:

- NRT (Bez materiału badanego przy odwrotnej transkrypcji)
- Negative Control (Kontrola ujemna)
- Positive Control (Kontrola dodatnia)
- Standard (Wzorzec)

5. Na zakładce Targets (Sekwencje docelowe):
  - a. W celu wybrania sekwencji docelowej jako referencyjnej na potrzeby analizy danych dotyczących ekspresji genu należy zaznaczyć tę sekwencję w kolumnie Reference (Sekwencja referencyjna).
  - b. Aby na zakładce Gene Expression (Ekspresja genu) w oknie Analysis Settings (Ustawienia analizy) ukryć ustawienia analizy, które zostaną zastosowane, należy usunąć zaznaczenie opcji Show Analysis Settings (Pokaż ustawienia analizy).

W oprogramowaniu zostaną ukryte następujące kolumny:

- Color (Kolor)
  - Show Chart (Pokaż wykres)
  - Auto Efficiency (Automatyczna wydajność)
  - Efficiency (%) (Wydajność (%))
- c. W celu zmiany koloru sekwencji docelowej na wykresie Gene Expression (Ekspresja genu) należy kliknąć jej kolor w kolumnie Color (Kolor), wybrać nowy kolor w wyświetlonym oknie dialogowym Color (Kolor) i kliknąć przycisk OK.

- d. Aby wyświetlać sekwencję docelową w wybranym kolorze na wykresie Gene Expression (Ekspresja genu), należy zaznaczyć jej pole wyboru w kolumnie Show Chart (Pokaż wykres).
- e. Domyślnie oprogramowanie CFX Maestro Dx SE automatycznie oblicza wydajność względną dla sekwencji docelowej, jeśli jej dane zawierają krzywą wzorcową.

W celu użycia ustalonej wcześniej wartości wydajności należy wpisać wartość do komórki w kolumnie Efficiency (%) (Wydajność) i nacisnąć klawisz Enter. Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE usunie zaznaczenie pola wyboru Auto Efficiency (Automatyczna wydajność).

- 6. W zakładce Samples (Próbki) i Biological Groups (Grupy biologiczne):
  - a. W celu wybrania próbki lub grupy biologicznej jako próbki kontrolnej do analizy danych ekspresji genu należy zaznaczyć jej pole wyboru w kolumnie Control (Kontrola).
  - b. Aby przypisać warunek kontroli do próbki lub grupy biologicznej dla analizy należy zaznaczyć jego pole wyboru w kolumnie Control (Kontrola).
  - c. Jeśli opcja Show Analysis Settings (Pokaż ustawienia analizy) nie jest jeszcze wybrana, należy ją kliknąć, aby na zakładce Gene Expression (Ekspresja genu) wyświetlić lub zmienić parametry analizy, które zostaną zastosowane. W oprogramowaniu zostaną ukryte kolumny Color (Kolor) i Show Chart (Pokaż wykres).
- 7. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać parametry w oknie dialogowym Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) i wrócić do okna Plate Editor (Edytor płytki).

## Tworzenie grup studzienek

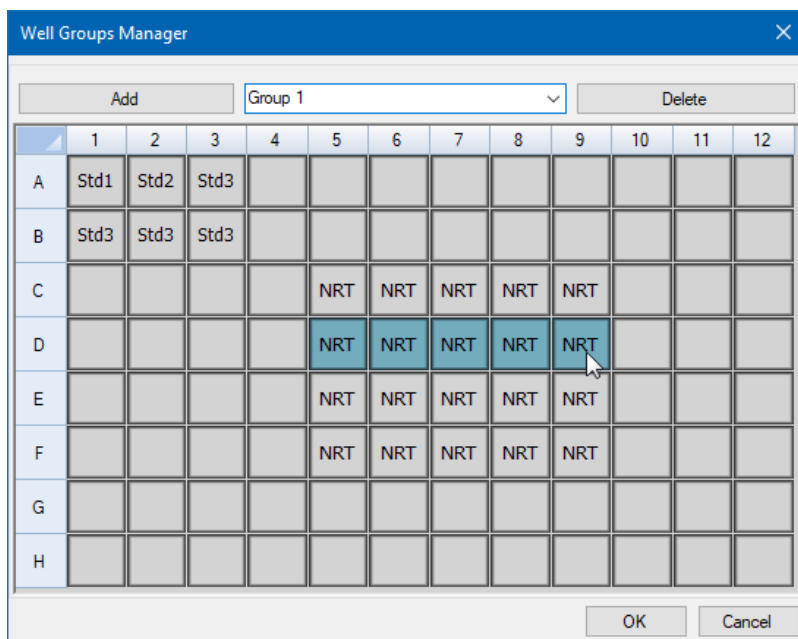
Grupy studzienek dzielą pojedynczą płytkę na podzbiory studzienek, które mogą być analizowane niezależnie w oknie Data Analysis (Analiza danych). Gdy grupy studzienek zostaną skonfigurowane, należy wybrać jedną w oknie Data Analysis (Analiza danych), aby przeanalizować dane jako niezależną grupę. Na przykład należy skonfigurować grupy studzienek, aby przeanalizować wiele eksperymentów wykonywanych na jednej płytce lub przeanalizować poszczególne grupy studzienek z użyciem innej krzywej wzorcowej.

**Uwaga:** Domyślną grupą studzienek jest grupa All Wells (Wszystkie studzienki).

### Aby utworzyć grupy studzienek

1. Aby otworzyć obszar Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek), należy wykonać jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć opcję Well Groups (Grupy studzienek) na pasku narzędzi Plate Editor (Edytor płytki).
  - W oknie Data Analysis (Analiza danych) kliknąć opcję Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek).



2. Kliknąć opcję Add (Dodaj), aby utworzyć nową grupę. W menu rozwijanym pojawi się nazwa Group 1 (Grupa 1) dla pierwszej grupy.

3. Wybrać studzienki dla grupy studzienek w widoku płytki, klikając i przeciągając kursor przez grupę studzienek. Wybrane studzienki pojawią się w menedżerze w kolorze niebieskim.
4. (Opcjonalnie) Aby zmienić nazwę grupy, należy wybrać jej nazwę w menu rozwijanym i wpisać nową nazwę.
5. (Opcjonalnie) Aby usunąć grupę studzienek, należy wybrać jej nazwę na liście rozwijanej i kliknąć opcję Delete (Usuń).
6. Kliknąć przycisk OK, aby zakończyć i zamknąć okno, albo kliknąć przycisk Cancel (Anuluj), aby zamknąć okno bez wprowadzania zmian.

### Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w oknie dialogowym Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek)

W sekcji [Tabela 10](#) wyszczególniono pozycje menu dostępne w oknie dialogowym Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek) po kliknięciu prawym przyciskiem myszy dowolnej studzienki.

**Tabela 10. Pozycje w menu wyświetlanym po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w oknie dialogowym Well Groups Manager (Menedżer grup studzienek) w oknie Plate Editor (Edytor płytki)**

Pozycja	Funkcja
Copy (Kopiuj)	Kopiowanie zawartości studzienki, którą następnie można wkleić do innej studzienki (lub studzienek)
Copy as Image (Kopiuj jako obraz)	Kopiowanie widoku selektora studzienek jako obrazu
Print (Drukuj)	Drukowanie widoku selektora studzienek
Print Selection (Drukuj wybór)	Drukowanie tylko wybranych studzienek
Export to Excel (Eksportuj do Excel)	Eksport danych do arkusza kalkulacyjnego Excel.
Export to CSV (Eksportuj do CSV)	Eksport danych jako dokumentu rozdzielanego przecinkami
Export to Xml (Eksportuj do Xml)	Eksport danych jako dokumentu .xml.
Export to Html (Eksportuj do Html)	Eksport danych jako dokumentu .html



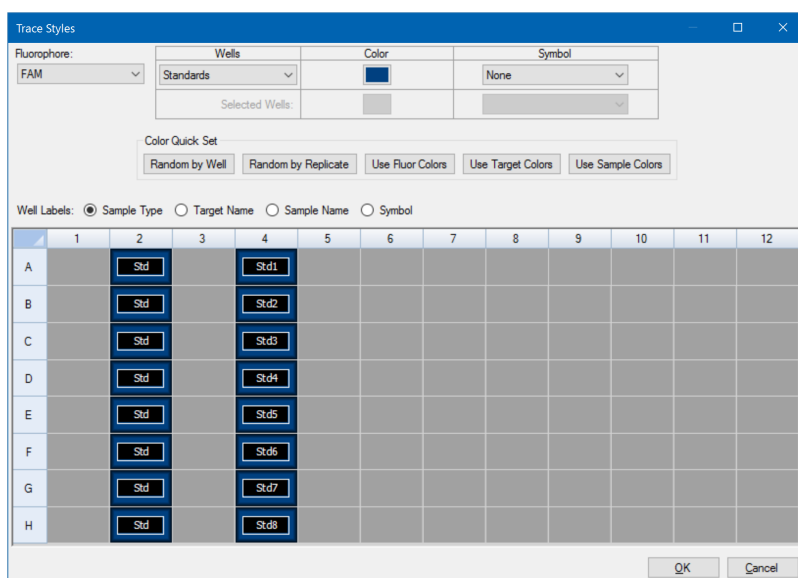
## Zmiana stylów krzywej

Podczas konfigurowania płytki i w trakcie analizy próbek można modyfikować kolor i styl krzywych amplifikacji. Następnie można łatwo przeglądać krzywe w oknie stanu w czasie rzeczywistym w miarę zbierania danych.

### Zmiana stylów krzywej

1. Kliknąć Trace Styles (Style krzywej) na pasku narzędzi Plate Editor (Edytor płytki).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Trace Styles (Style krzywej) dla otwartej płytki, takie jak np.:



2. Aby wyświetlić style krzywej dla konkretnego fluoroforu, wybrać fluorofor z listy rozwijanej Fluorophores (Fluorofory).
3. Aby zmienić sposób wyświetlania krzywej:
  - a. Wybrać typ krzywej z listy rozwijanej Wells (Studzienki).
  - b. Kliknąć jej kolor w kolumnie Color (Kolor).
  - c. W wyświetlonym wtedy oknie dialogowym Color (Kolor) wybrać inny kolor dla krzywej i kliknąć OK.  
CFX Maestro Dx SE wyświetla zmianę koloru dla typu studzienki w siatce.
  - d. (Opcjonalnie) Wybrać symbol dla krzywej z listy rozwijanej Symbols (Symbole).
4. Aby szybko zmienić zestaw barw, kliknąć odpowiednią opcję w części Color Quick Set (Szybki zestaw kolorów).

5. Aby przeglądać etykiety studzienek w siatce, wybrać typ etykiety w części Well Labels (Etykiety studzienek).
6. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany, lub Cancel (Anuluj), aby je anulować.

## Wyświetlanie, eksportowanie i importowanie płytki w formacie arkusza kalkulacyjnego

Narzędzie Spreadsheet View/Importer (Podgląd/importer arkusza kalkulacyjnego) wyświetla zawartość płytki w formacie arkusza kalkulacyjnego. Przeglądarka udostępnia opcje przeglądania, importowania i eksportowania danych dotyczących studzienek, jak opisano poniżej.

### Używanie narzędzia Spreadsheet Viewer do eksportowania i importowania danych płytki

W przeglądarce arkuszy kalkulacyjnych można eksportować dane takie jak Target Name (Nazwa sekwencji docelowej), Sample Name (Nazwa grupy), Biological Group Name (Nazwa grupy biologicznej) i Well Notes (Uwagi dotyczące studzienki) jako szablon w formacie oddzielanym tabulatorami do aplikacji takiej jak Microsoft Excel. Można też zaimportować dane z aplikacji oddzielanej tabulatorami do predefiniowanej płytki z pliku z informacjami o eksperymencie.

#### Aby korzystać z narzędzia Spreadsheet View/Importer (Podgląd/importer arkusza kalkulacyjnego)

1. Utwórz i zapisz plik płytki (zobacz [Tworzenie pliku płytki za pomocą edytora Plate Editor \(Edytor płytki\)](#)).
2. Na pasku narzędzi w oknie Plate Editor (Edytor płytki) kliknąć zakładkę Spreadsheet View/Importer (Podgląd/importer arkusza kalkulacyjnego), aby otworzyć okno dialogowe Plate Spreadsheet View (Podgląd/importer arkusza kalkulacyjnego).

Row	Column	Sample Type	Replicate #	*Target Name	*Sample Name	Starting Quantity	Units
D	10	Std	10	Tubulin	dil-10	1.000E+005	copy number
D	11	Std	11	Tubulin	dil-11	1.000E+006	copy number
D	12	Std	12	Tubulin	dil-12	1.000E+007	copy number
E	1	Std	1	Actin	dil-1	1.000E+002	copy number
E	2	Std	2	Actin	dil-2	1.000E+003	copy number
E	3	Std	3	Actin	dil-3	1.000E+004	copy number
E	4	Std	4	Actin	dil-4	1.000E+005	copy number
E	5	Std	5	Actin	dil-5	1.000E+006	copy number
E	6	Std	6	Actin	dil-6	1.000E+007	copy number
E	7	Std	7	Tubulin	dil-7	1.000E+002	copy number
E	8	Std	8	Tubulin	dil-8	1.000E+003	copy number
E	9	Std	9	Tubulin	dil-9	1.000E+004	copy number
E	10	Std	10	Tubulin	dil-10	1.000E+005	copy number
E	11	Std	11	Tubulin	dil-11	1.000E+006	copy number
E	12	Std	12	Tubulin	dil-12	1.000E+007	copy number

3. (Opcjonalnie) Kliknij pola wyboru Show Biological Set Name (Pokaż nazwę zestawu biologicznego) i Show Well Note (Pokaż uwagi dotyczące studzienki), aby wyświetlić te kolumny w widoku arkusza kalkulacyjnego i w wyeksportowanym pliku.
4. Kliknij przycisk Export Template (Eksportuj szablon), aby utworzyć pusty szablon w pliku Excela (format .csv). Wyeksportowany plik będzie miał taki sam układ jak Twoja płytka.

**Wskazówka:** Podczas zapisywania plików płytek używaj nazwy pliku płytki, aby łatwo zidentyfikować plik.

5. Wypełnij komórki pliku Excel danymi ze studzienki.

**Uwaga:** Możliwe jest edytowanie tylko zawartości każdej komórki w każdej kolumnie, która obok nazwy zawiera znak gwiazdki (\*) (na przykład \*Target Name (\*Nazwa sekwencji docelowej), \*Sample Name (Nazwa próbki), \*Biological Group Name (Nazwa grupy biologicznej), \*Well Note (Uwagi dotyczące studzienki)).

**Uwaga:** W wyeksportowanym pliku Excel nie można dodawać wartości do kolumn Standard Curve (Krzywa standardowa) i Quantity (Ilość). Aby zmodyfikować te dane, wróć do edytora Plate Editor i wybierz Settings (Ustawienia) > Units (Jednostki) na pasku menu. Po zakończeniu analizy płytki dane z tych wzorców pojawią się na wykresie krzywej wzorcowej na zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) w oknie Data Analysis (Analiza danych) z jednostkami wybranymi przez użytkownika.

6. Zaimportuj uzupełniony plik Excel z powrotem do edytora Plate Editor, klikając przycisk Import (Importuj). Zaimportowane dane płytki pojawią się w oknie Plate Spreadsheet View (Widok arkusza kalkulacyjnego płytki).

**Ważne:** Jeśli masz wiele fluoroforów, będziesz musiał wykonać kroki 3-5 dla każdego fluoroforu, korzystając z rozwijanego menu Flours List (Lista fluorów) w widoku Plate Spreadsheet (Arkusz kalkulacyjny płytki).

7. Kliknij przycisk OK. Dane nowej płytki pojawią się teraz w oknie Plate Editor.

**Wskazówka:** Możesz wyświetlić pozycje menu dostępne w narzędziu Spreadsheet View/Importer (Widok arkusza kalkulacyjnego/Importer) po kliknięciu prawym przyciskiem myszy dowolnej studzienki w narzędziu lub dowolnego nagłówka tabeli w widoku Plate Spreadsheet (Arkusz kalkulacyjny płytki).

## Tworzenie układu płytki za pomocą kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) dla płytki

Za pomocą kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) można wprowadzić między innymi następujące informacje dotyczące układu płytki, które są wymagane na potrzeby znormalizowanej analizy ekspresji genów:

- Nazwy sekwencji docelowych
- Nazwy próbek
- Rozmieszczenie sekwencji docelowych i próbek na płytce
- Geny referencyjne
- Próbką kontrolna

Z kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) można korzystać przed analizą, w jej trakcie, a także po zakończeniu analizy.

### Korzystanie z kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) dla płytki

W tym rozdziale opisano sposób tworzenia układu płytki za pomocą kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) dla płytki. Aby łatwiej przeglądać zawartość każdej studzienki w płytce, kliknąć Zoom plate (Przybliż płytkę) na górze okna Setup Wizard (Kreator konfiguracji).

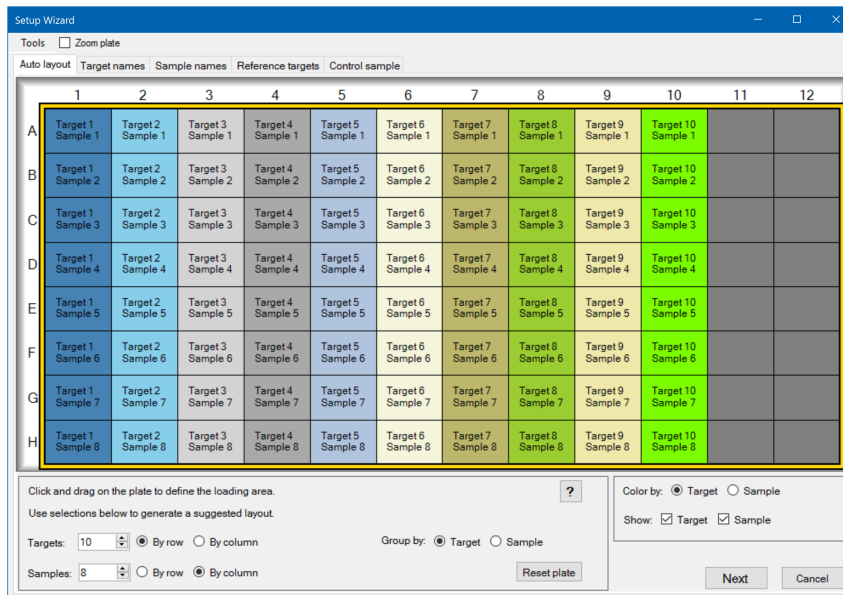
**Ważne:** Powrót do zakładki Auto layout (Automatyczny układ) z jakiegokolwiek innej zakładki w oknie Setup Wizard (Kreator konfiguracji) powoduje zresetowanie układu płytki. Zachować ostrożność podczas wybierania tej zakładki.

**Wskazówka:** Można zresetować układ, wybierając Tools (Narzędzia) > Clear Plate (Wyczyść płytkę) w oknie Setup Wizard (Kreator konfiguracji).

#### Użycie kreatora Setup Wizard (Kreator konfiguracji) dla płytki

1. Otworzyć Plate Editor (Edytor płytki).
2. Aby otworzyć Setup Wizard (Kreator konfiguracji), należy wykonać jedną z następujących czynności:
  - Wybrać Editing Tools (Narzędzia edycyjne) > Setup Wizard (Kreator konfiguracji).
  - Kliknąć Setup Wizard (Kreator konfiguracji) na pasku narzędzi Plate Editor (Edytor płytki).

Zostanie otworzone okno Setup Wizard (Kreator konfiguracji) z wyświetloną zakładką Auto layout (Automatyczny układ).



3. W zakładce Auto layout (Automatyczny układ) wykonać następujące czynności:
  - a. Kliknąć studzienkę w siatce i przeciągnąć w poprzek i w dół, aby wyznaczyć obszar na płytce, w którym ma być załadowana próbka.
  - b. Wpisać liczbę genów docelowych (Targets) i próbek (Samples) do załadowania.
 

**Wskazówka:** Liczba genów docelowych i próbek musi być równa liczbie wybranych komórek. Jeśli wpisane liczby nie mieszczą się w wybranym obszarze, zmodyfikować liczby lub obszar wyboru na płytce. Można określić orientację elementów na płytce i ich grupowanie.
  - c. (Opcjonalnie) Zmienić orientację płytki. Na przykład można ustawić geny docelowe w kolumnach i próbki w rzędach, albo grupować według próbek.
  - d. Kliknąć Next (Dalej), aby przejść do zakładki Target names (Nazwy genów docelowych).

**Uwaga:** Jeśli układ płytki nie ma regularnego wzorca, za pomocą zakładki Target names (Nazwy genów docelowych) można ręcznie ustawić pozycję genów docelowych, a za pomocą zakładki Sample names (Nazwy próbek) ręcznie ustawić pozycję próbek na płytce. Kliknąć i przeciągnąć, aby wybrać wiele studzienek.

4. W zakładce Target names (Nazwy genów docelowych) określić nazwy genów docelowych dla grup genów docelowych:
  - a. Wykonaj jedną z następujących czynności:
    - W celu zmiany nazw genów docelowych według grupy, ustawić wartość Target (Gen docelowy) w opcji Select by (Wybierz według).
    - W celu zmiany nazw genów docelowych według studzienki, ustawić wartość Well (Studzienka) w opcji Select by (Wybierz według).
  - b. Wybrać grupę genów docelowych lub studzienkę z siatki i wpisać nazwę na liście rozwijanej Target name (Nazwa genu docelowego).

**Wskazówka:** Nacisnąć klawisz Tab, aby wybrać następną grupę lub studzienkę po prawej stronie, lub klawisz Enter, aby wybrać następną grupę lub studzienkę poniżej. Zamiast tego można w zakładkach Target name (Nazwa genu docelowego) i Sample name (Nazwa próbki) przytrzymać naciśnięty klawisz Ctrl i klikać studzienki, aby zaznaczyć wiele studzienek, które nie sąsiadują ze sobą.
  - c. Kliknąć Next (Dalej), aby przejść do zakładki Sample names (Nazwy próbek).
5. W zakładce Sample names (Nazwy próbek) określić nazwy próbek dla grup próbek.
6. Kliknąć Next (Dalej), aby przejść do zakładki Reference targets (Referencyjne geny docelowe).
7. W zakładce Reference targets (Referencyjne geny docelowe) wybrać jeden lub większą liczbę genów docelowych do użycia jako genów referencyjnych na potrzeby znormalizowanej ekspresji genu. Następnie kliknąć Next (Dalej), aby przejść do zakładki Control sample (Próbka kontrolna).
8. W zakładce Control sample (Próbka kontrolna) wybrać jedną próbkę do użycia jako kontroli na potrzeby obliczeń względnej ekspresji genu.
9. Kliknąć OK, aby zapisać układ płytki i powrócić do okna Plate Editor (Edytor płytki), w którym można dalej definiować parametry płytki. Więcej informacji przedstawiono w rozdziale [Przypisywanie parametrów opcjonalnych do pliku płytki na stronie 151](#).

Zamiast tego można kliknąć Previous (Wstecz), aby powrócić do poprzedniej zakładki i wprowadzić tam potrzebne zmiany.

**Uwaga:** Powrót do zakładki Auto layout (Automatyczny układ) powoduje automatyczne zresetowanie płytki. Zachować ostrożność podczas klikania przycisku Previous (Poprzedni).

## Rozdział 9 Uruchamianie eksperymentów

W tym rozdziale objaśniono sposób uruchamiania eksperymentów niestandardowych (zdefiniowanych przez użytkownika) oraz eksperymentów z testem PrimePCR z wykorzystaniem produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security.

Plik danych analizy próbek zawiera informacje o protokole i płytce dla danej analizy. Ten plik zawiera też dane z analiz danych, które oprogramowanie CFX Maestro Dx SE przeprowadza po zakończeniu analizy próbek.

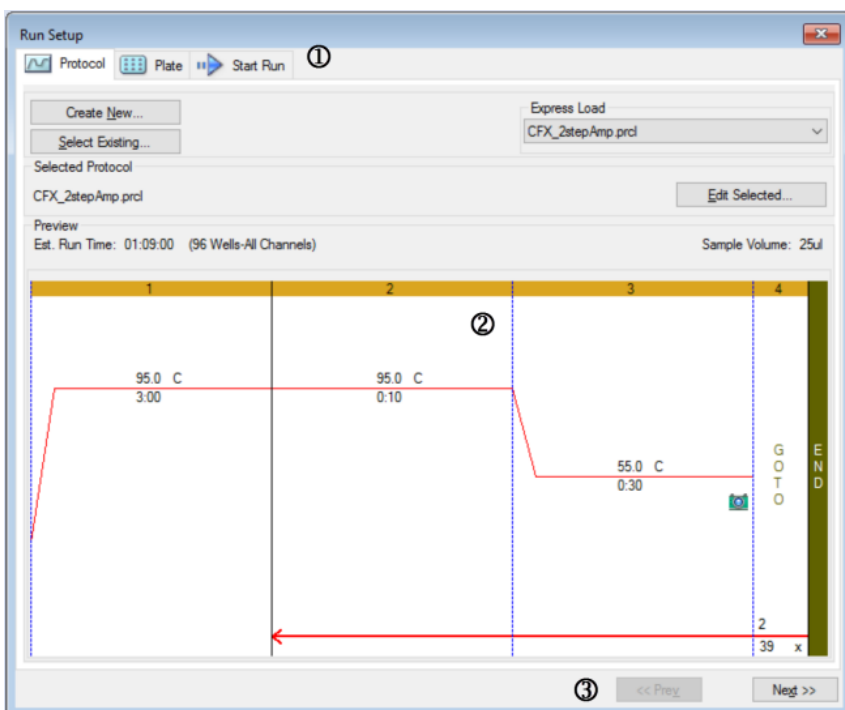
CFX Maestro Dx SE ułatwia konfigurowanie i uruchamianie eksperymentów definiowanych przez użytkownika oraz eksperymentów PrimePCR. Okno Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) prowadzi użytkownika przez często stosowane etapy konfigurowania eksperymentu aż do okna dialogowego Start Run (Uruchom analizę próbek), w którym uruchamiana jest analiza.



## Okno Run Setup (Konfiguracja analizy)

Okno Run Setup (Konfiguracja analizy) zapewnia szybki dostęp do plików i ustawień wymaganych do skonfigurowania i uruchomienia eksperymentu. W przypadku uruchomienia eksperymentu zdefiniowanego przez użytkownika pojawia się okno Run Setup (Konfiguracja analizy), w którym wyświetlana jest zakładka Protocol (Protokół). W przypadku uruchomienia eksperymentu PrimePCR pojawia się okno Run Setup (Konfiguracja analizy), w którym wyświetlana jest zakładka Start Run (Uruchom analizę próbek).

**Wskazówka:** Więcej informacji na temat eksperymentów PrimePCR zawiera sekcja [Wykonywanie eksperymentów PrimePCR na stronie 194](#); więcej informacji na temat zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek) zawiera sekcja [Zakładka Start Run \(Uruchom analizę próbek\) na stronie 184](#).



## LEGENDA

1. Zakładki prowadzą użytkownika przez proces konfigurowania i wykonywania eksperymentu:
  - Zakładka Protocol (Protokół) — umożliwia wybranie istniejącego protokołu do uruchomienia lub edycji albo utworzenie nowego protokołu w obszarze Protocol Editor (Edytor protokołów).
  - Zakładka Plate (Płytki) — umożliwia wybranie istniejącej płytki do przeanalizowania lub edycji albo utworzenie nowej płytki w obszarze Plate Editor (Edytor płytki).
  - Zakładka Start Run (Uruchom analizę próbek) — umożliwia wyświetlanie ustawień eksperymentów, wybór co najmniej jednego bloku aparatu, a także rozpoczęcie analizy.

---

2. W głównym oknie opcje dotyczące poszczególnych zakładek są wyświetlane w miarę ich stosowania.

---

3. Przyciski nawigacyjne prowadzą do zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek).

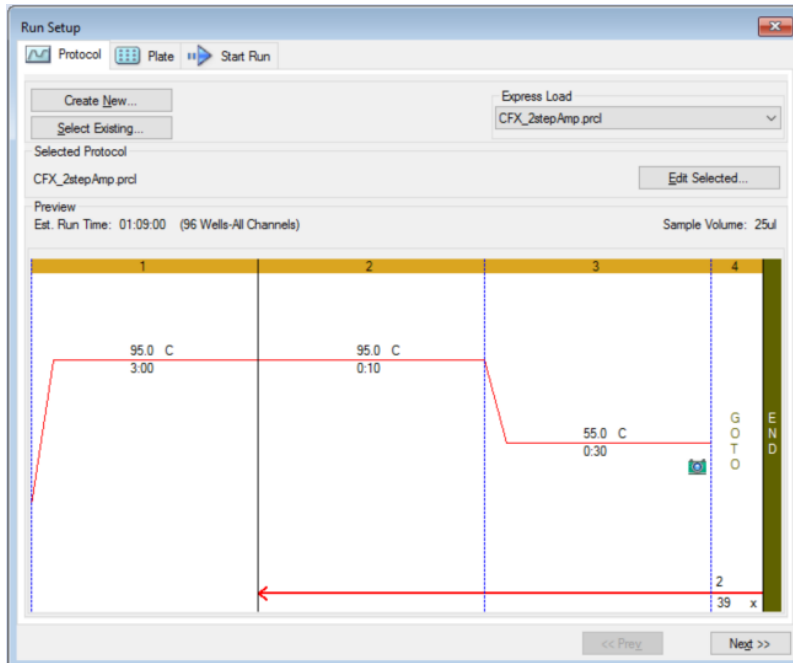
## Przechodzenie do okna Run Setup (Konfiguracja analizy próbek)

### Przejdź do okna Run Setup (Konfiguracja analizy próbek)

- ▶ Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - W zakładce Run setup (Konfiguracja analizy próbek) w oknie Startup Wizard (Kreator startowy) kliknąć opcję User-defined (Definiowana przez użytkownika) lub PrimePCR.
  - W oknie Home (Strona główna) kliknąć opcję User-Defined Run Setup (Konfiguracja analizy definiowanej przez użytkownika) lub PrimePCR Run Setup (Konfiguracja analizy PrimePCR) na pasku narzędzi.
  - W oknie Home (Strona główna) wybrać opcję Run (Analiza próbek) > User-Defined Run (Analiza definiowana przez użytkownika) lub Run (Analiza próbek) > PrimePCR Run (Analiza PrimePCR).

## Zakładka Protocol (Protokół)

Na zakładce Protocol (Protokół) wyświetlany jest podgląd pliku protokołu, który użytkownik zamierza uruchomić. Plik protokołu zawiera instrukcje dotyczące etapów zmian temperatury w aparacie, a także opcje aparatu, które kontrolują zmiany tempa, objętość próbek i temperaturę pokrywy.



Domyślnie oprogramowanie wyświetla protokół zdefiniowany w sekcji File Selection for Run Setup (Wybór pliku dla konfiguracji analizy) na zakładce Files (Pliki) w oknie dialogowym User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika). Domyślny protokół można zmienić w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika). Więcej informacji zawiera rozdział [Zmiana ustawień pliku domyślnego na stronie 91](#).

W zakładce Protocol (Protokół) można

- Utworzyć nowy protokół do uruchomienia.
- Wybrać istniejący protokół do uruchomienia lub analizy.

Więcej informacji na temat tworzenia i modyfikowania protokołów zawiera [Rozdział 7, Tworzenie protokołów](#).

### Aby utworzyć nowy protokół

1. Na zakładce Protocol (Protokół) kliknąć opcję Create New (Utwórz nowe).  
Zostanie wyświetlone okno Protocol Editor (Edytor protokołu).
2. Utworzyć nowy protokół w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu).
3. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać protokół i wrócić do zakładki Protocol (Protokół) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek).
4. Przejrzeć szczegóły protokołu i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Jeśli szczegóły są poprawne, kliknąć przycisk Next (Dalej), aby przejść do zakładki Plate (Płytki).
  - Jeśli szczegóły są niepoprawne, kliknąć opcję Edit Selected (Edytuj wybrany), aby wrócić do okna Protocol Editor (Edytor protokołu). Skorygować protokół, zapisać zmiany, a następnie kliknąć przycisk Next (Dalej) na zakładce Protocol (Protokół), aby przejść do zakładki Plate (Płytki).

### Aby wybrać istniejący protokół

1. Na zakładce Protocol (Protokół) wykonać jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć opcję Select Existing (Wybierz istniejący) i przejść do istniejącego protokołu.
  - Kliknąć opcję Express Load (Ekspresowe ładowanie) i wybrać protokół z rozwijanej listy protokołów.  
  
**Wskazówka:** Protokoły można dodawać do listy rozwijanej Express Load (Ekspresowe ładowanie), a także można je z niej usuwać. Więcej informacji zawiera poniższa sekcja [Dodawanie i usuwanie protokołów ekspresowego ładowania](#).
2. Przejrzeć szczegóły protokołu i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Jeśli szczegóły są poprawne, kliknąć przycisk Next (Dalej), aby przejść do zakładki Plate (Płytki).
  - Jeśli szczegóły są niepoprawne, kliknąć opcję Edit Selected (Edytuj wybrany), aby otworzyć okno Protocol Editor (Edytor protokołu). Skorygować protokół, zapisać zmiany, a następnie kliknąć przycisk Next (Dalej) na zakładce Protocol (Protokół), aby przejść do zakładki Plate (Płytki).

### Dodawanie i usuwanie protokołów ekspresowego ładowania

Można zmodyfikować zawartość listy rozwijanej Express Load (Ekspresowe ładowanie) wyświetlanej w oknie Protocol Editor (Edytor protokołu). Protokoły z tej listy są zapisane w folderze:

c:\Users\Public\Public Documents\Bio-Rad\CFX\_MDx\Users\\ExpressLoad\

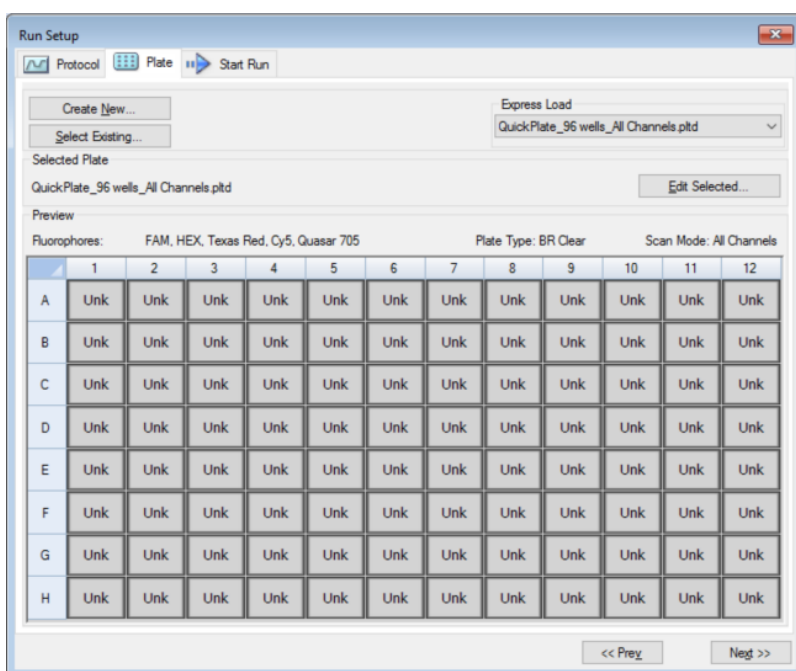
### **Modyfikacja listy protokołów Express Load (Ekspresowe ładowanie)**

1. Przejść do folderu ExpressLoad (Ekspresowe ładowanie) i otworzyć go.
2. Przejrzeć pliki protokołów (.pcri) w tym folderze.
3. Wykonać dowolną z następujących czynności:
  - Skasować protokoły z folderu, aby je usunąć z listy rozwijanej.
  - Skopiować protokoły do folderu, aby dodać je do listy rozwijanej.

## Zakładka Plate (Płytki)

**Uwaga:** Jeśli protokół wybrany na zakładce Protocol (Protokół) nie zawiera etapu odczytu płytki dla analizy PCR w czasie rzeczywistym, wówczas zakładka Protocol (Protokół) będzie ukryta. Aby wyświetlić zakładkę Plate (Płytki), należy dodać co najmniej jeden odczyt płytki do protokołu.

Na zakładce Plate (Płytki) wyświetlany jest podgląd pliku płytki, który użytkownik zamierza załadować. W ramach analizy PCR w czasie rzeczywistym plik płytki zawiera opis zawartości każdej studzienki, co obejmuje jej fluorofory, tryb skanowania i typ płytki. CFX Maestro Dx SE wykorzystuje te opisy do gromadzenia i analizy danych.



Domyślnie oprogramowanie wyświetla płytkę zdefiniowaną w sekcji File Selection for Run Setup (Wybór pliku dla konfiguracji analizy) na zakładce Files (Pliki) w oknie dialogowym User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika). Domyślną próbkę można zmienić w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika). Więcej informacji zawiera rozdział [Zmiana ustawień pliku domyślnego na stronie 91](#).

W zakładce Plate (Płytki) można

- Utworzyć nową płytkę do załadowania
- Wybrać istniejącą płytkę do załadowania lub edycji

Więcej informacji na temat tworzenia i modyfikowania płytek zawiera [Rozdział 8, Przygotowywanie płytek](#).

### Aby utworzyć nową płytkę

1. Na zakładce Plate (Płytki) kliknąć opcję Create New (Utwórz nowe).  
Zostanie otwarte okno Plate Editor (Edytor płytki).
2. Utworzyć nową płytkę w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
3. Kliknąć przycisk OK, aby zapisać płytkę i wrócić do zakładki Plate (Płytki) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek).
4. Przejrzeć szczegóły płytki i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Jeśli szczegóły są poprawne, kliknąć przycisk Next (Dalej), aby przejść do zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek).
  - Jeśli szczegóły są niepoprawne, kliknąć opcję Edit Selected (Edytuj wybrany), aby wrócić do okna Plate Editor (Edytor płytki). Skorygować plik płytki, zapisać zmiany, a następnie kliknąć przycisk Next (Dalej) na zakładce Plate (Płytki), aby przejść do zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek).

### Aby zapisać istniejący plik płytki

1. Na zakładce Plate (Płytki) wykonać jedną z następujących czynności:
  - Kliknąć opcję Select Existing (Wybierz istniejący) i przejść do istniejącego pliku płytki.
  - Kliknąć opcję Express Load (Ekspresowe ładowanie) i wybrać plik płytki z listy rozwijanej.  
**Wskazówka:** Płytki można dodawać do listy rozwijanej Express Load (Ekspresowe ładowanie), a także można je z niej usuwać. Więcej informacji zawiera poniższa sekcja [Dodawanie i usuwanie plików płytek z ekspresowym ładowaniem](#).
2. Przejrzeć szczegóły płytki i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Jeśli szczegóły są poprawne, kliknąć przycisk Next (Dalej), aby przejść do zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek).
  - Jeśli szczegóły są niepoprawne, kliknąć opcję Edit Selected (Edytuj wybrany), aby otworzyć okno Plate Editor (Edytor płytki). Skorygować plik płytki, zapisać zmiany, a następnie kliknąć przycisk Next (Dalej), aby przejść do zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek).

### Dodawanie i usuwanie plików płytek z ekspresowym ładowaniem

Można zmodyfikować zawartość listy rozwijanej Express Load (Ekspresowe ładowanie) wyświetlanej w oknie Plate Editor (Edytor płytki). Płytki widoczne na tej liście są zapisane w folderze:

c:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDx\Users\\ExpressLoad\

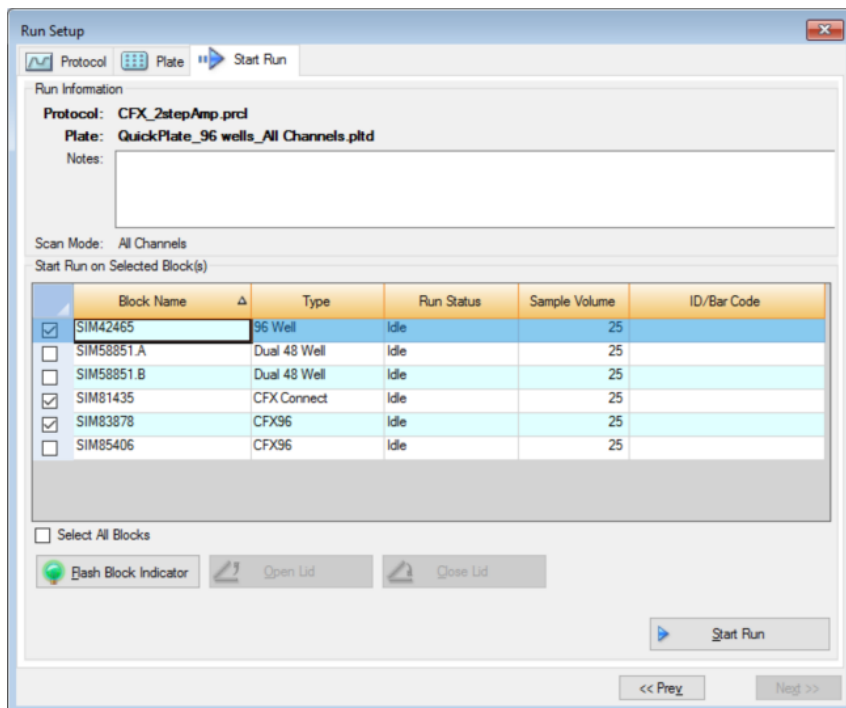
**Aby zmodyfikować listę plików płytek z ekspresowym ładowaniem**

1. Przejść do folderu ExpressLoad (Ekspresowe ładowanie) i otworzyć go.
2. Przejrzeć pliki płytek (.pltd) w tym folderze.
3. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Usunąć pliki płytek z folderu, aby je usunąć z listy rozwijanej.
  - Skopiować pliki płytek do folderu, aby dodać je do listy rozwijanej.



## Zakładka Start Run (Uruchom analizę próbek)

W zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) wyświetlane są informacje o eksperymencie, który ma być uruchomiony. W zakładce tej wyświetlany jest także podłączony blok (lub bloki) aparatu, w którym można uruchomić dany eksperyment.



W zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) można wykonać następujące czynności:

- Przeglądać szczegółowe informacje o analizie, w tym wybrany plik protokołu, plik płytki i tryb skanowania.
- Dodawać uwagi dotyczące analizy próbek.
- Przeglądać szczegóły dotyczące wszystkich podłączonych aparatów, w tym ich stan uruchomienia (Running (działa) lub Idle (bezczynność)), objętość próbki w  $\mu\text{l}$ , temperaturę pokrywy, tryb emulacji oraz ID lub kod kreskowy, o ile są dostępne.

**Uwaga:** W tabeli Selected Blocks (Wybrane bloki) można zmodyfikować kolumny wyświetlane w oknie Start Run (Uruchom analizę próbek). Więcej informacji zamieszczono w rozdziale [Modyfikowanie szczegółów w tabeli Selected Blocks \(Wybrane bloki\) na stronie 185](#).

- Wybrać blok lub bloki, w których ma być wykonana analiza próbek.
- Zdalnie otworzyć lub zamknąć pokrywę każdego wybranego aparatu.

- Uruchomić analizę próbek.

### Modyfikowanie szczegółów w tabeli Selected Blocks (Wybrane bloki)

W tabeli Selected Block(s) (Wybrane bloki) można zmodyfikować kolumny wyświetlane w oknie Start Run (Uruchom analizę próbek). Dodatkowo w tabeli można zmodyfikować domyślną objętość próbki oraz temperaturę pokrywy. Zmiany ustawień są stosowane względem analizy przeznaczonej do wykonania.

#### Aby dodać kolumny do obszaru Start Run (Uruchom analizę próbek) w tabeli Selected Blocks (Wybrane bloki)

- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem tabelę i zaznaczyć opcję w menu, które zostanie wyświetlone.

#### Aby usunąć kolumny z obszaru Start Run (Uruchom analizę próbek) w tabeli Selected Blocks (Wybrane bloki)

- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem tabelę i usunąć zaznaczenie opcji w menu, które zostanie wyświetlone.

#### Aby przeprowadzić edycję objętości próbki lub temperatury pokrywy dla bloku

- ▶ Wybrać komórkę objętości próbki lub temperatury pokrywy dla bloku docelowego, a następnie wprowadzić nową wartość do komórki.

#### Aby dodać identyfikator analizy lub kod kreskowy dla bloku

- ▶ Wybrać komórkę ID/Bar Code (Id./kod kreskowy) dla bloku docelowego i wpisać identyfikator lub zeskanować blok za pomocą czytnika kodów kreskowych.

## Uruchamianie eksperymentu

**Ważne:** Przed uruchomieniem eksperymentu upewnić się, że oprogramowanie antywirusowe zainstalowane w komputerze nie rozpocznie skanowania podczas działania eksperymentu. Aby uzyskać więcej informacji, zobacz [Instalacja oprogramowania CFX Maestro Dx SE na stronie 36](#) i skontaktuj się z administratorem systemu.

#### Uruchomienie eksperymentu

1. W zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) zweryfikować szczegółowe informacje o płytce i protokole w części Run Information (Informacje o analizie próbek).
2. (Opcjonalnie) W polu tekstowym Notes (Uwagi) dodać uwagi dotyczące analizy próbek lub eksperymentu.
3. Zaznaczyć pole wyboru jednego lub większej liczby bloków, w których ma być wykonywana analiza próbek.

**Wskazówka:** Aby uruchomić eksperyment we wszystkich blokach, wybrać Select All Blocks (Wybierz wszystkie bloki) pod tabelą Selected Blocks (Wybrane bloki).

4. (Opcjonalnie) Kliknąć Flash Block Indicator (Migająca kontrolka bloku), aby zaświecić kontrolkę LED w wybranych blokach aparatu.
5. Wprowadzić do bloku płytki eksperymentalne:
  - a. Kliknąć Open Lid (Otwórz pokrywę). Otwierana jest automatyczna pokrywa każdego wybranego bloku.
  - b. Do każdego wybranego bloku wprowadzić płytkę do badania.
  - c. Kliknąć Close Lid (Zamknij pokrywę).

**Wskazówka:** Na System CFX Opus Dx, należy nacisnąć Open Lid (Otwórz pokrywę) lub Close Lid (Zamknij pokrywę) na ekranie Home (Strona główna).

6. Kliknąć Open Lid (Otwórz pokrywę) i Close Lid (Zamknij pokrywę), aby otworzyć i zamknąć automatyczną pokrywę każdego wybranego bloku aparatu.
7. Przejrzeć szczegóły analizy próbek i wykonać jedną z następujących czynności:
  - Jeśli szczegóły są poprawne, kliknąć Start Run (Uruchom analizę próbek).
  - Jeśli szczegóły nie są poprawne:
    - poprawić szczegóły w tabeli Selected Blocks (Wybrane bloki) i kliknąć Start Run (Uruchom analizę próbek);
    - powrócić do właściwej tabeli i wprowadzić odpowiednie zmiany, zapisać zmiany i kliknąć Next (Dalej), aby powrócić do zakładki Start Run (Uruchom analizę próbek) i uruchomić analizę.

### **Rozpoczęcie nowej analizy próbek na podstawie wcześniejszej analizy**

- ▶ Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Wybrać File (Plik) > Repeat a Run (Powtórz analizę próbek) na pasku głównego menu oprogramowania, przejść do pliku danych analizy, który ma być powtórzony i dwukrotnie go kliknąć.
  - Wybrać zakładkę Repeat Run (Powtórz analizę próbek) w kreatorze Startup Wizard (Kreator startowy) i dwukrotnie kliknąć plik danych analizy dla analizy próbek, która ma być powtórzona.  
  
Opcjonalnie w zakładce Repeat Run (Powtórz analizę próbek) można kliknąć Browse (Przeglądaj), przejść do pliku danych analizy, który ma być powtórzony i dwukrotnie go kliknąć.

## Okno dialogowe Run Details (Szczegóły analizy próbek)

Po kliknięciu Start Run (Uruchom analizę próbek), CFX Maestro Dx SE przypomni użytkownikowi o zapisaniu pliku danych (.pcrd), uruchomi analizę próbek i otworzy okno dialogowe Run Details (Szczegóły analizy próbek). Okno dialogowe Run Details (Szczegóły analizy próbek) zawiera trzy zakładki stanu:

- **Run Status** (Stan analizy próbek) — w tej zakładce można przejrzeć bieżący stan protokołu, otworzyć lub zamknąć pokrywę, wstrzymać analizę próbek, dodać powtórzenia, pominąć etapy i zatrzymać analizę.
- **Real-time Status** (Stan w czasie rzeczywistym) — w tej zakładce można przeglądać dane fluorescencyjne dotyczące PCR w czasie rzeczywistym w miarę ich zbierania.
- **Time Status** (Stan czasu) — w tej zakładce można obserwować pełnoekranowy zegar odliczający czas do końca protokołu.

Te zakładki są dokładniej objaśnione w poniższych rozdziałach.

### Zakładka Run Status (Stan analizy próbek)

Zakładka Run Status (Stan analizy próbek) przedstawia informacje na temat bieżącego statusu trwającej analizy. W tym widoku można również kontrolować pokrywę i zmieniać trwającą analizę.

## LEGENDA

1. Panel Run Status (Stan analizy próbek) — przedstawia postęp protokołu.
2. Elementy sterujące w obszarze Run Status (Stan analizy próbek) — umożliwiają obsługę aparatu lub przerwanie bieżącego protokołu.
3. Panel Run Information (Informacje o analizie próbek) — przedstawia szczegóły analizy.

## Polecenia Run Status (Stan analizy próbek)

Za pomocą poleceń z zakładki Run Status (Stan analizy próbek) można obsługiwać aparat albo zmienić trwającą analizę.

**Uwaga:** Wprowadzanie zmian do protokołu w trakcie analizy, na przykład dodawanie powtórzeń, nie zmienia pliku protokołu powiązanego z analizą. Takie działania są rejestrowane w obszarze Run Log (Dziennik analizy próbek).



— otwiera automatyczną pokrywę na zainstalowanych aparatach.

**Ważne:** Otwarcie pokrywy podczas analizy powoduje wstrzymanie analizy w trakcie bieżącego etapu i może spowodować modyfikację danych. [Polecenia Run Status \(Stan analizy próbek\) na stronie 188.](#)



— zamyka automatyczną pokrywę na zainstalowanych aparatach.



— powoduje dodanie większej ilości powtórzeń do bieżącego etapu GOTO w protokole. Ta opcja jest dostępna tylko wtedy, gdy działa etap GOTO.

**Uwaga:** Można dodać dodatkowe powtórzenia w cyklu GOTO (Idź do), gdy protokół jest w toku. Jednakże, CFX Maestro Dx SE rozpoznaje ostatnią zmianę liczby powtórzeń. Na przykład, jeśli dodane zostanie 10 dodatkowych powtórzeń w cyklu GOTO (Idź do), oprogramowanie zmieni całkowitą liczbę na  $n + 10$ . Jeśli następnie dodane zostanie kolejne pięć (5) powtórzeń w tym samym cyklu, CFX Maestro zmieni całkowitą liczbę powtórzeń na  $n + 5$ . Pierwsza zmiana (10 powtórzeń) jest ignorowana. Aby upewnić się, że oprogramowanie wykonuje docelową liczbę powtórzeń, należy wprowadzić całkowitą liczbę (w tym przypadku 15 powtórzeń).



— powoduje pominięcie bieżącego etapu w protokole.

**Uwaga:** W przypadku zainicjowania pomijania podczas kroku GOTO, system przeskoczy do następnego cyklu w pętli GOTO. Jeśli ostatni cykl kroku GOTO był w toku w momencie pominięcia, system przechodzi do następnego kroku.



— powoduje, że dioda LED na wybranym aparacie miga w celu zidentyfikowania wybranych bloków.



— powoduje wstrzymanie protokołu.

**Uwaga:** To działanie jest rejestrowane w obszarze Run Log (Dziennik analizy próbek).



— powoduje wznowienie wstrzymanego protokołu.

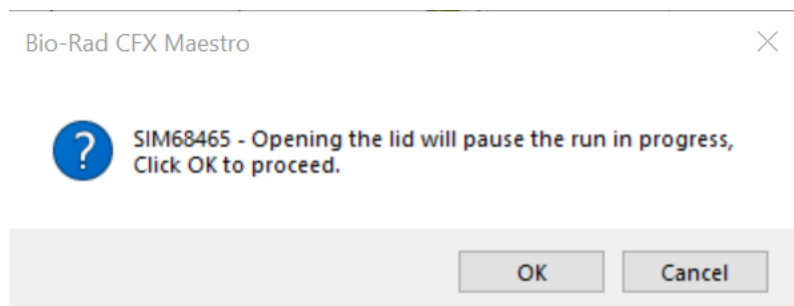


— zatrzymuje analizę zanim zakończy się protokół.

**Uwaga:** Zatrzymanie analizy przed zakończeniem protokołu może spowodować modyfikację danych.

## Otwieranie pokrywy aparatu podczas analizy PCR

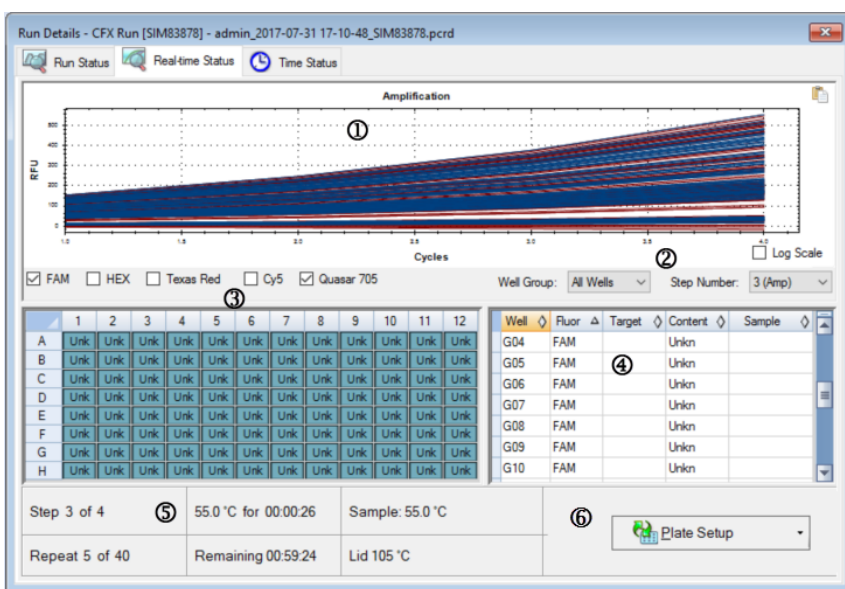
Jeśli podczas badania PCR zostanie otwarta pokrywa któregoś z aparatów, na wyświetlaczu CFX Maestro Dx SE pojawi się następujące okno dialogowe potwierdzenia:



Gdy okno dialogowe jest wyświetlane, aparaty kontynuują pracę nad protokołem. Po naciśnięciu przycisku OK analiza zostaje wstrzymana, a pokrywa aparatu odblokowuje się i otwiera. Przycisk Cancel (Anuluj) spowoduje zamknięcie okna dialogowego i wznowienie analizy.

## Zakładka Real-time Status (Stan w czasie rzeczywistym)

W zakładce Real-time Status (Stan w czasie rzeczywistym) wyświetlane są dane PCR w czasie rzeczywistym zebrane w każdym cyklu podczas analizy próbek po pierwszych dwóch odczytach płytki.



### LEGENDA

1. Panel krzywych Amplification (Amplifikacja) — wyświetlanie danych o amplifikacji w czasie rzeczywistym podczas analizy próbek.
2. Identyfikator Well group (Grupa studzienek) — jeśli grupy studzienek zostały określone w konfiguracji płytki, użytkownicy mogą wybrać daną grupę studzienek, aby przeglądać jej krzywe, studzienki i informacje tabelaryczne.  
Identyfikator Step number (Numer etapu) — jeśli w protokole dane są zbierane na więcej niż jednym etapie (np. podczas amplifikacji i krzywej topnienia), użytkownicy mogą wybrać konkretny etap i wyświetlić krzywe uzyskane na tym etapie.
3. Panel selektora studzienek — wyświetlanie aktywnych, nieaktywnych i pustych studzienek w płytce.
4. Panel z tabelą konfiguracji płytki — wyświetlanie konfiguracji płytki w formacie tabelarycznym.

5. Panel szczegółów analizy próbek — wyświetlanie stanu analizy próbek w czasie rzeczywistym, co obejmuje:
  - bieżący etap,
  - bieżące powtórzenie,
  - bieżącą temperaturę,
  - pozostały czas,
  - temperaturę próbki,
  - temperaturę pokrywy.

---

6. Plate Setup (Konfiguracja płytki) — otwarcie okna dialogowego Plate Setup (Konfiguracja płytki), w którym użytkownicy mogą modyfikować bieżącą konfigurację płytki w trakcie trwania analizy próbek.

W zakładce Real-time Status (Stan w czasie rzeczywistym) można:

- wyświetlać lub ukrywać krzywe w czasie rzeczywistym poprzez wybranie ich w panelu selektora studzienek lub w tabeli konfiguracji płytki;
- przeglądać pojedyncze krzywe lub ich grupy poprzez wybranie ich z listy rozwijanej grup studzienek;
- edytować płytkę lub zastąpić plik płytki;
- zastosować plik PrimePCR do danej analizy próbek.

### Wyświetlanie i ukrywanie krzywych kreślonych w czasie rzeczywistym

Domyślnie wszystkie wypełnione studzienki są aktywne i wyświetlane w tabeli konfiguracji płytki. Aktywne studzienki są wyświetlane w kolorze niebieskim w panelu selektora studzienek. W panelu selektora studzienek ukryte studzienki są wyświetlane w kolorze jasnoszarym, a nieużywane — w kolorze ciemnoszarym.

Można ukryć krzywe z aktywnych studzienek podczas analizy próbek. CFX Maestro Dx SE kontynuuje zbieranie danych dla wszystkich studzienek; gdy studzienki zostaną ukryte, ich dane nie są wyświetlane w tabeli konfiguracji płytki.

#### Ukrycie krzywych kreślonych w czasie rzeczywistym

- ▶ W panelu selektora studzienek kliknąć aktywne (niebieskie) studzienki, które mają być ukryte.

#### Wyświetlenie krzywych kreślonych w czasie rzeczywistym

- ▶ W panelu selektora studzienek kliknąć ukryte (jasnoszare) studzienki, które mają być wyświetlone.

Więcej informacji o selektorze studzienek zamieszczono w rozdziale [Well Selector \(Selektor studzienek\)](#) na stronie 216.



## Edytowanie konfiguracji płytki

### Aby edytować konfigurację płytki

- ▶ Kliknąć opcję Plate Setup (Konfiguracja płytki) i wybrać opcję View/Edit Plate (Wyświetl/edytuj płytkę).

Zostanie wyświetlone okno Plate Editor (Edytor płytki), w którym można edytować płytkę w trakcie analizy. Więcej informacji na temat edycji płytek zawiera [Rozdział 8, Przygotowywanie płytek](#).

**Uwaga:** Z okna Plate Editor (Edytor płytki) można również edytować style krzywych.

Wprowadzone zmiany będą widoczne na wykresie krzywej amplifikacji na zakładce Real-time Status (Stan w czasie rzeczywistym).

## Zastępowanie pliku płytki

**Wskazówka:** Możliwość zastąpienia pliku płytki jest szczególnie przydatna przy rozpoczynaniu analizy próbek od pliku Quick Plate (Szybka płytka) z folderu ExpressLoad (Ekspresowe ładowanie).

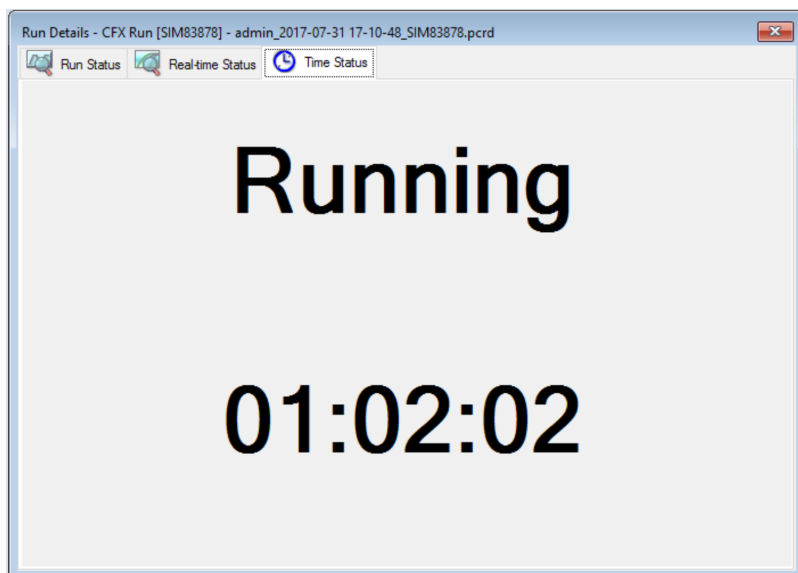
### Zastąpienie pliku płytki

- ▶ Kliknąć Plate Setup (Konfiguracja płytki) i wybrać jedną z następujących opcji:
  - Replace Plate file (Zastąp plik płytki) — wybór nowego pliku płytki z listy w oknie przeglądarki;
  - Apply PrimePCR file (Zastosuj plik PrimePCR) — za pomocą wyszukiwarki Smart search (Inteligentne wyszukiwanie) wyszukać plik analizy próbek, z którego zostanie uzyskany układ płytki, lub kliknąć Browse (Przeglądaj), aby znaleźć plik pobrany z witryny internetowej firmy Bio-Rad, którego nie ma w folderze PrimePCR.

**Uwaga:** CFX Maestro Dx SE sprawdza tryb skanu i wielkość płytki dla pliku płytki. Muszą one być takie same, jak ustawienia analizy próbek, z którymi uruchomiono analizę.

## Zakładka Time Status (Stan czasu)

Zakładka Time Status (Stan czasu) przedstawia czas pozostały do ukończenia bieżącej analizy.



## Wykonywanie eksperymentów PrimePCR

W eksperymentach PrimePCR używane są oznaczenia szlaków przemian lub oznaczenia właściwe dla choroby, które firma Bio-Rad zatwierdziła w badaniach „na mokro” i zoptymalizowała, a które są dostępne w następujących formatach:

- Panele wstępnie umieszczone na płytках — płytki zawierające oznaczenia specyficzne dla szlaku przemian biologicznych lub choroby; zawierają kontrole PrimePCR i geny referencyjne.
- Płytki konfigurowane niestandardowo — płytki, które można skonfigurować w układzie zdefiniowanym przez użytkownika z opcją wyboru oznaczeń dla sekwencji docelowych stanowiących przedmiot zainteresowania, dla kontroli i referencji.
- Pojedyncze oznaczenia — próbki zawierają zestawy pojedynczych primerów do użycia w reakcjach w czasie rzeczywistym.

W celu skrócenia łącznego czasu analizy można usunąć z protokołu etap topnienia. Firma Bio-Rad zdecydowanie odradza wprowadzanie jakichkolwiek modyfikacji do protokołu analizy PrimePCR. Protokół domyślny to ten, który był używany na potrzeby walidacji oznaczenia. Jakiegokolwiek odchylenie od parametrów tego protokołu może wpłynąć na wyniki. Zmiany w protokole są rejestrowane na zakładce Run Information (Informacja o analizie) wynikowego pliku danych i we wszelkich tworzonych raportach.

### Aby uruchomić analizę PrimePCR

- ▶ Aby uruchomić analizę PrimePCR, należy wykonać dowolną z poniższych czynności:
  - W kreatorze Startup Wizard (Kreator startowy) wybrać PrimePCR na zakładce Run setup (Konfiguracja analizy próbek), a następnie wybrać odpowiednią technikę (SYBR<sup>®</sup> lub sondę).
  - Wybrać analizę PrimePCR z listy Recent Runs (Ostatnie analizy) na zakładce Repeat run (Powtórz analizę) w kreatorze Startup Wizard (Kreator startowy).
  - W oknie Home (Strona główna) wybrać opcje File (Plik) > Open (Otwórz) > PrimePCR Run (Analiza PrimePCR).
  - Przeciągnąć i upuścić plik analizy PrimePCR na okno Home (Strona główna).

Po wybraniu analizy PrimePCR zostanie otwarte okno Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) na zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) z załadowanym domyślnym układem płytki PrimePCR odpowiednio do wybranego aparatu.

### Aby usunąć etap topnienia z protokołu

- ▶ Na zakładce Protocol (Protokół) usunąć zaznaczenie pola wyboru obok opcji Include Melt Step (Uwzględnij etap topnienia).

**Aby zaimportować informacje o sekwencjach docelowych dla płytek PrimePCR do układu płytki**

1. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Na zakładce Real-time Status (Stan w czasie rzeczywistym) w oknie dialogowym Run Details (Szczegóły analizy próbek) wybrać opcje Plate Setup (Konfiguracja płytki) > Apply PrimePCR File (Zastosuj plik PrimePCR).
  - W oknie Data Analysis (Analiza danych) wybrać opcje Plate Setup (Konfiguracja płytki) > Apply PrimePCR File (Zastosuj plik PrimePCR).
2. W oknie dialogowym pliku analizy PrimePCR kliknąć przycisk przeglądania, aby przejść do odpowiedniego pliku PrimePCR (.csv).
3. Wybrać docelowy plik PrimePCR i kliknąć opcję Open (Otwórz).

Oprogramowanie System CFX Opus Dx zaimportuje wymagane informacje do układu płytki.

## Przenoszenie danych z trybu autonomicznego na potrzeby analizy

**Ważne:** Podczas przesyłania plików danych z produktu System CFX Opus Dx na CFX Maestro Dx SE, przesyłane są wszystkie pliki zapisane w urządzeniu. W celu bezpiecznego przesłania danych należy upewnić się, że dostępna jest wystarczająca ilość miejsca na dysku.

Po zakończeniu analizy oprogramowanie CFX Maestro Dx SE analizuje dane fluorescencji. Jeśli analiza jest wykonywana w trybie autonomicznym i została zapisana na samym produkcie System CFX Opus Dx, wówczas dane muszą zostać przeniesione do komputera z CFX Maestro Dx SE w celu ich przeanalizowania.

Aparat System CFX Opus Dx może przechowywać do 100 analiz PCR w czasie rzeczywistym. Po zakończeniu analizy można przenieść pliki danych z trybu autonomicznego na komputer z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE za pośrednictwem poczty e-mail, dysku USB lub za pośrednictwem oprogramowania.

W niniejszym rozdziale wyjaśniono sposób przenoszenia plików danych z trybu autonomicznego do komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE.

### Przenoszenie danych przez pocztę e-mail

#### Wysłanie pliku danych w wiadomości e-mail na koniec analizy próbek

1. Skonfigurować powiadomienia pocztą e-mail dla danego aparatu.

Zobacz [Konfigurowanie powiadomień pocztą e-mail na stronie 87](#) lub Podręcznik użytkownika produktu System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym.

2. Podczas konfigurowania powiadomień pocztą e-mail konieczne trzeba zaznaczyć pole Attach Data File (Dołącz plik danych).

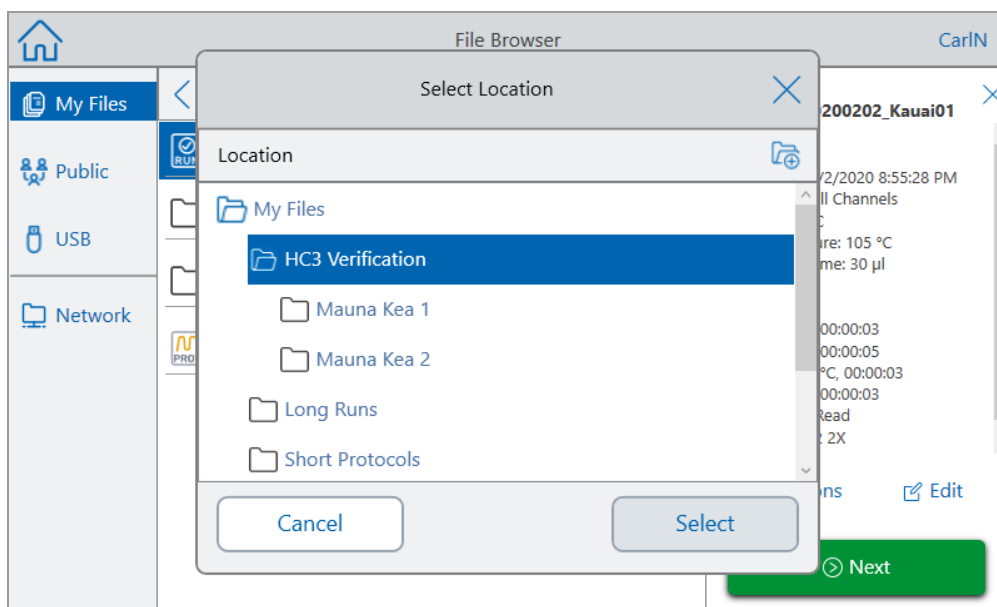
Dane analizy próbek są wysyłane e-mailem jako plik .pcrd.

### Przesyłanie danych z aparatu System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym


Korzystając z przeglądarki plików w aparacie System CFX Opus Dx, możesz przysyłać pliki danych do podłączonego dysku USB lub udostępnionego folderu sieciowego. Możesz także przenieść pliki protokołów CFX Maestro Dx SE z USB lub udostępnionego dysku sieciowego do folderu lub folderu publicznego w urządzeniu System CFX Opus Dx i uruchomić je na urządzeniu System CFX Opus Dx.

**Wskazówka:** W tej sekcji wyjaśniono przesyłanie danych. Aby uzyskać informacje o konfigurowaniu połączenia Ethernet, patrz dokument Instrukcja obsługi System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym, dostępny po kliknięciu w menu Help (Pomoc) CFX Maestro Dx SE.

1. Na ekranie głównym urządzenia System CFX Opus Dx, dotknij opcji Files (Pliki), aby wyświetlić ekran przeglądarki plików.
2. Na ekranie przeglądarki plików przejdź do pliku, który chcesz skopiować, a następnie dotknij go, aby wyświetlić okienko szczegółów pliku.
3. W okienku szczegółów pliku dotknij przycisk Options (Opcje), a następnie Copy (Kopiuj).



Zostanie wyświetlone okno dialogowe Select Location (Wybierz lokalizację).

4. W oknie dialogowym Select Location (Wybierz lokalizację) wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Przejdź do istniejącego folderu.
  - Przejdź do lokalizacji, aby utworzyć folder, w którym chcesz zapisać plik, a następnie dotknij opcji Create Folder (Utwórz folder)  w celu utworzenia nowego folderu w tej lokalizacji.
5. Dotknij opcji Select (Wybierz), aby skopiować plik do wybranej lokalizacji, lub opcji Cancel (Anuluj), aby powrócić do ekranu przeglądarki plików.

**Uwaga:** Jeśli w wybranej lokalizacji istnieje już plik o podanej nazwie, pojawi się okno z komunikatem. Dotknij przycisku Yes (Tak), aby zastąpić istniejący plik, lub przycisku No (Nie), aby powrócić do ekranu przeglądarki plików.

Urządzenie System CFX Opus Dx wyświetli komunikat potwierdzający, gdy plik zostanie pomyślnie skopiowany.

## Przesyłanie danych przez Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

### Aby przesłać dane przez CFX Maestro Dx SE

1. W panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) w oknie Home (Strona główna) kliknąć prawym przyciskiem myszy docelowy aparat i wybrać opcję Retrieve Data Files (Pobierz pliki danych).  
W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE zostanie wyświetlone okno dialogowe Browse For Folder (Przeglądaj w poszukiwaniu folderu).
2. W oknie dialogowym Browse For Folder (Przeglądaj w poszukiwaniu folderu) przejść do lokalizacji, w której planowane jest zapisanie plików danych, i kliknąć przycisk OK.  
Proces przesyłania utworzy folder o nazwie Real-Time Data w wybranej lokalizacji. Dane analizy zostaną zapisane w folderze Real-Time Data jako osobne pliki .zpcr.

## Przenoszenie danych za pomocą dysku USB

Jeśli do portu USB w aparacie zostanie podłączony dysk USB, po zakończeniu analizy plik danych zostanie automatycznie zapisany w katalogu głównym tego dysku USB. Dodatkowo możliwe jest odszukanie utworzonych wcześniej plików danych i zapisanie ich na podłączonym dysku USB.

### Aby przesłać pliki danych na dysk USB w urządzeniu System CFX Opus Dx

- ▶ W oknie dialogowym Select Location (Wybierz lokalizację), należy nacisnąć USB i przejść do folderu docelowego, do którego mają zostać skopiowane pliki, lub Cancel (Anuluj), aby powrócić do ekranu przeglądarki plików.

**Uwaga:** Jeśli w wybranej lokalizacji istnieje już plik o podanej nazwie, pojawi się okno dialogowe. Dotknij przycisku Yes (Tak), aby zastąpić istniejący plik, lub przycisku No (Nie), aby powrócić do ekranu przeglądarki plików.

Urządzenie System CFX Opus Dx wyświetli komunikat potwierdzający, gdy plik zostanie pomyślnie skopiowany.



## Przesyłanie danych przez współdzielony dysk sieciowy przy użyciu produktu System CFX Opus Dx do analiz PCR w czasie rzeczywistym

**Wskazówka:** Dane do i z współdzielonego dysku sieciowego można przysyłać tylko za pośrednictwem produktu System CFX Opus Dx.

System CFX Opus Dx umożliwia łączenie się ze współdzielonym dyskiem sieciowym za pomocą sieci Ethernet. Po pomyślnym połączeniu można przysyłać pliki danych do i z folderu na współdzielonym dysku sieciowym.

### Przesyłanie danych do i z współdzielonego dysku sieciowego

- ▶ W oknie dialogowym Select Location (Wybierz lokalizację), należy nacisnąć Network (Sieć) i przejść do folderu docelowego, do którego mają zostać skopiowane pliki, lub Cancel (Anuluj), aby powrócić do ekranu przeglądarki plików.

**Uwaga:** Jeśli w wybranej lokalizacji istnieje już plik o podanej nazwie, pojawi się okno dialogowe. Dotknij przycisku Yes (Tak), aby zastąpić istniejący plik, lub przycisku No (Nie), aby powrócić do ekranu przeglądarki plików.

Urządzenie System CFX Opus Dx wyświetli komunikat potwierdzający, gdy plik zostanie pomyślnie skopiowany.

## Tworzenie pliku danych

W celu przeanalizowania danych przesłanych z aparatu do komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE skompresowany plik danych (plik .zpcr) musi zostać przekształcony w plik danych (plik .pcrd). CFX Maestro Dx SE konwertuje plik .zpcr na plik .pcrd, a następnie wybiera plik płytki, który ma ten sam tryb skanowania i rozmiar płytki i stosuje go do pliku .pcrd.

### Aby utworzyć plik danych z niezależnego pliku danych

1. W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE wykonać jedną z następujących czynności:
  - Odszukać docelowy plik .zpcr i przeciągnąć go do okna Home (Strona główna) oprogramowania CFX Maestro Dx SE.
  - Wybrać opcje File (Plik) > Open (Otwórz) > Stand-alone Run (Analiza niezależna), przejść do pliku i wybrać plik docelowy.

W oprogramowaniu CFX Maestro Dx SE zostanie wyświetlone okno dialogowe Save As (Zapisz jako).

2. Przejść do folderu, w którym planowane jest zapisanie pliku .pcrd, i kliknąć opcję Save (Zapisz).

Przenoszenie danych z trybu autonomicznego na potrzeby analizy

Po zapisaniu pliku .pcrd program CFX Maestro Dx SE otworzy okno Data Analysis (Analiza danych) i wyświetli dane wynikowe.



## Rozdział 10 Przegląd informacji o analizie danych

Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security automatycznie przetwarza dane o PCR w czasie rzeczywistym na koniec każdej analizy próbek i otwiera okno Data Analysis (Analiza danych) w celu wyświetlenia tych danych (w pliku .pcrd).

- Przeciągnąć plik danych (z rozszerzeniem .pcrd) na okno Home (Strona główna) i upuścić go
- Wybrać File (Plik) > Open (Otwórz) > Data File (Plik danych) w oknie Home (Strona główna) i wyszukać docelowy plik .pcrd
- Wybrać File (Plik) > Recent Data Files (Ostatnie pliki danych) w oknie Home (Strona główna), aby wybrać plik z listy dziesięciu ostatnio otwieranych plików danych
- Otworzyć zakładkę Analize (Analizuj) w kreatorze Startup Wizard (Kreator startowy) i wybrać plik z listy Recent Files (Ostatnie pliki) lub kliknąć Browse (Przeglądaj) w celu zlokalizowania pliku danych

### Okno Data Analysis (Analiza danych)

W oknie Data Analysis (Analiza danych) wyświetlanych jest wiele zakładek, z których każda przedstawia analizowane dane dla konkretnej metody analitycznej lub informacje specyficzne dla analizy próbek. Zakładki są wyświetlane tylko wtedy, gdy dla danego typu analizy są dostępne dane zebrane w trakcie analizy próbek.



**Wskazówka:** Aby wybrać zakładki do wyświetlenia, wybrać je z menu rozwijanego View (Widok) w oknie Data Analysis (Analiza danych). Aby powrócić do pierwotnego układu zakładek, wybrać Settings (Ustawienia) > Restore Default Window Layout (Przywróć domyślny układ okien).

## Pasek narzędzi Data Analysis (Analiza danych)

Pasek narzędzi w oknie Data Analysis (Analiza danych) zapewnia szybki dostęp do ważnych funkcji analizy danych.

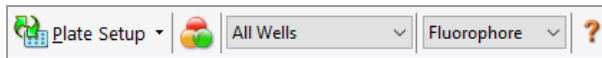


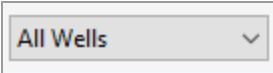
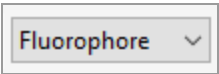



Tabela 11 przedstawia funkcje przycisków, które znajdują się na pasku narzędzi.

**Tabela 11. Pasek narzędzi w oknie Data Analysis (Analiza danych)**

Przycisk	Nazwa	Funkcja
	Plate Setup (Konfiguracja płytki)	View/Edit plate (Wyświetl/edytuj płytkę) – otwiera obszar Plate Editor (Edytor płytki), w którym można wyświetlać i edytować zawartość studzienek.  Replace Plate file (Zastąp plik płytki) – umożliwia wybranie pliku płytki w celu zastąpienia układu płytki.  Apply PrimePCR file (Zastosuj plik PrimePCR) – umożliwia wybranie pliku analizy w celu zastąpienia układu płytki dla analizy PrimePCR.
	Manage Well Groups (Zarządzanie grupami studzienek)	Otwiera obszar Manage Well Groups (Zarządzaj grupami studzienek), w którym można tworzyć, edytować i usuwać grupy studzienek.
	Well Group (Grupa studzienek)	Umożliwia wybranie nazwy istniejącej grupy studzienek z menu rozwijanego. Wyborem domyślnym jest grupa All Wells (Wszystkie studzienki). Ten przycisk pojawia się tylko wtedy, gdy utworzone zostały grupy studzienek.
	Analysis Mode (Tryb analizy)	Umożliwia analizowanie danych w trybie Fluorophore (Fluorofor) lub Target (Sekwencja docelowa).
	Help (Pomoc)	Umożliwia otwarcie pomocy dla oprogramowania, w której można uzyskać pomoc online oraz cyfrową wersję niniejszego podręcznika w formacie Acrobat PDF.

## Pasek menu Data Analysis (Analiza danych)

Tabela 12 ukazuje pozycje w pasku menu w oknie Data Analysis (Analiza danych).

**Tabela 12. Pozycje w pasku menu w oknie Data Analysis (Analiza danych)**

Pozycja w menu	Polecenie	Funkcja
File (Plik)	Save (Zapisz)	Zapis pliku.
	Save As (Zapisz jako)	Zapis pliku z nową nazwą.
	File Passwords (Hasła do plików)	Umożliwia użytkownikom ustawianie hasła do zapisywania i otwierania plików.
	Sign (Podpisz)	Umożliwia użytkownikom podpisywanie pliku danych.
	Repeat Run (Powtórz analizę)	Uzyskanie protokołu i pliku płytki z bieżącej analizy próbek w celu jej ponownego wykonania.
	Close (Zamknij)	Zamknięcie okna Data Analysis (Analiza danych).
View (Widok)	Run Log (Dziennik analiz próbek).	Otwarcie okna Run Log (Dziennik analiz próbek), w którym można przeglądać rejestr analizy próbek dla bieżącego pliku danych.
	Audit Trail (Ścieżka audytu)	Otwiera ścieżkę audytu dla pliku.
	Quantification (Oznaczenie ilościowe), Melt Curve (Krzywa topnienia), Gene Expression (Ekspresja genu), End Point (Punkt końcowy), Custom Data View (Niestandardowy widok danych), QC (Kontrola jakości), Run Information (Informacje o analizie próbek)	Wyświetlanie analizowanych danych w wybranych zakładkach w oknie Data Analysis (Analiza danych). Musi być wybrana co najmniej jedna zakładka.

**Tabela 12. Pozycje w pasku menu w oknie Data Analysis (Analiza danych), ciąg dalszy**

<b>Pozycja w menu</b>	<b>Polecenie</b>	<b>Funkcja</b>
Settings (Ustawienia)	C <sub>q</sub> Determination Mode (Tryb oznaczania C <sub>q</sub> )	Umożliwia wybranie trybu Regression (Regresja) lub Single Threshold (Pojedynczy próg) w celu ustalenia sposobu obliczania wartości C <sub>q</sub> dla każdej krzywej.

Tabela 12. Pozycje w pasku menu w oknie Data Analysis (Analiza danych), ciąg dalszy

Pozycja w menu	Polecenie	Funkcja
	Baseline Setting (Ustawienie wartości bazowej)	Umożliwia wybranie metody Baseline Subtraction (Odejmowanie wartości bazowej) dla wybranej grupy studzienek.
	Analysis mode (Tryb analizy)	Pozwala wykonać analizę danych według Fluorophore (fluoroforu) lub według Target (genu docelowego).
	Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania)	Umożliwia wybranie cykli do analizy.
	Baseline Threshold (Próg bazowy)	Otwiera okno Baseline Threshold (Próg bazowy) w celu dostosowania wartości bazowej lub progów.
	Trace Styles (Style krzywej)	Otwarcie okna Trace Styles (Style krzywej).
	Plate Setup (Konfiguracja płytki)	Otwarcie okna Plate Editor (Edytor płytki) w celu przeglądania i edycji płytki; zastąpienie bieżącej płytki płytką z pliku płytek zdefiniowanych przez użytkownika lub pliku analizy PrimePCR.
	Include All Excluded Wells (Włącz wszystkie wykluczone studzienki)	Włączenie do analizy wszystkich wykluczonych studzienek.
	Mouse Highlighting (Podświetlanie kursorem myszy)	Włączanie/wyłączanie równoczesnego podświetlania danych kursorem myszy. <b>Wskazówka:</b> Jeśli opcja Mouse Highlighting (Podświetlanie kursorem myszy) jest wyłączona, można czasowo włączyć podświetlanie, naciskając klawisz Ctrl.
	Restore Default Window Layout (Przywróć domyślny układ okien)	Przywrócenie domyślnego ustawienia układu okien.



**Tabela 12. Pozycje w pasku menu w oknie Data Analysis (Analiza danych), ciąg dalszy**

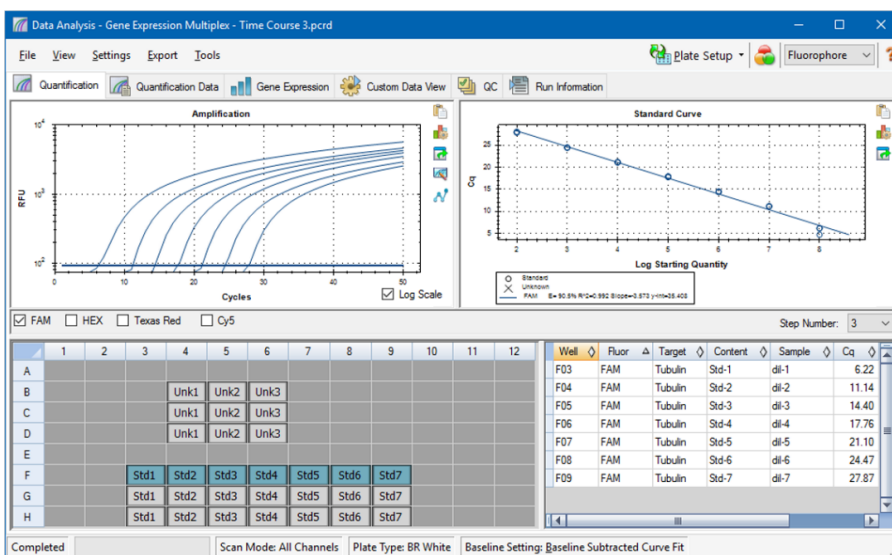
Pozycja w menu	Polecenie	Funkcja
Export (Eksport)	Export All Data Sheets (Eksportuj wszystkie arkusze danych)	Umożliwia wybór, czy wyeksportować wszystkie widoki arkusza kalkulacyjnego z każdej zakładki do pliku .csv, .txt, Excel lub .xml.
	Export RDML File (Eksportuj plik RDML)	Umożliwia wybranie wersji 1.1 lub 1.0 standardu RDML do wyeksportowania pliku.
	Custom Export (Eksport niestandardowy)	Otwarcie okna Custom Export (Eksport niestandardowy), w którym można określić pola do wyeksportowania oraz format pliku.
	Export to LIMS Folder (Eksportuj do folderu LIMS)	Otwarcie okna w celu zapisu danych w folderze LIMS we wstępnie określonym formacie.
	Manual Export (Eksport ręczny)	Otwarcie okna w celu określenia miejsca zapisu danych ze wszystkich widoków arkuszy kalkulacyjnych do plików Excel ze strukturą specjalnie dostosowaną do użycia przez Seegene, Inc. oraz Laboratoria Bio-Rad. <b>Wskazówka:</b> Można także automatycznie uruchomić przeglądarkę Seegene Viewer podczas eksportu. Aby uzyskać więcej informacji, patrz <a href="#">Polecenia menu Tools (Narzędzia) na stronie 71</a> .

**Tabela 12. Pozycje w pasku menu w oknie Data Analysis (Analiza danych), ciąg dalszy**

<b>Pozycja w menu</b>	<b>Polecenie</b>	<b>Funkcja</b>
Tools (Narzędzia)	Reports (Raporty)	Otwarcie okna Report (Raport) dla bieżącego pliku danych.
	Well Group Reports (Raporty dotyczące grupy studzienek)	Otwarcie okna Well Group Reports (Raporty dotyczące grupy studzienek) w celu generowania raportów dla określonych grup studzienek.
	Import Fluorophore Calibration (Importuj kalibrację fluoroforu)	Wybór pliku kalibracji do zastosowania do bieżącego pliku danych.
	qbase+	Uruchomienie programu qbase+ v2.5 (o ile jest zainstalowany) bezpośrednio z poziomu bieżącego pliku .pcrd.
	Generate LIMS PLRN file (Wygeneruj plik LIMS PLRN)	Zapisuje plik danych jako plik .plrn w formacie LIMS.

## Szczegóły zakładek

Na każdej zakładce w oknie Data Analysis (Analiza danych) wyświetlane są dane na wykresach i arkuszach kalkulacyjnych dla konkretnej metody analizy, a ponadto dostępny jest selektor studzienek, który umożliwia wybranie danych do pokazania. Po otwarciu selektora w oknie Data Analysis (Analiza danych) domyślnie pojawia się zakładka Quantification (Oznaczenie ilościowe). Za pomocą danych na wykresie amplifikacji w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) można określić odpowiednie ustawienia analizy dla konkretnej analizy próbek.



**Uwaga:** Oprogramowanie łączy dane w panelach każdej zakładki w oknie Data Analysis (Analiza danych). Na przykład wyróżnienie studzienki poprzez umieszczenie wskaźnika myszy nad tą studzienką w selektorze studzienki powoduje wyróżnienie odpowiednich danych we wszystkich innych panelach.

## Selektor numeru etapu

Systemy CFX Opus Dx mogą zbierać dane fluorescencyjne na wielu etapach protokołu; oprogramowanie przechowuje dane zebrane na każdym etapie niezależnie. CFX Maestro Dx SE wyświetla selektor Step Number (Numeru kroku) poniżej wykresu krzywej wzorcowej w zakładce Quantification (Kwantyfikacja). Jeśli protokół zawiera co najmniej jeden etap zbierania danych, CFX Maestro Dx SE wyświetla dane z pierwszego etapu pozyskiwania.

Jeśli protokół zawiera więcej niż jeden etap zbierania danych, można wybrać inny etap z listy rozwijanej. Na przykład:

Step Number:

Po wybraniu etapu oprogramowanie zastosuje ten wybór do wszystkich danych prezentowanych w oknie Data Analysis (Analiza danych).

## Przeglądanie grup studzienek w oknie Data Analysis (Analiza danych)

Studzienki na płycie można pogrupować na podzbiory na potrzeby niezależnej analizy z wykorzystaniem grup studzienek. Gdy tworzone są grupy studzienek, nazwy grup są wyświetlane na liście rozwijanej Well Groups (Grupy studzienek) na pasku narzędzi w oknie Data Analysis (Analiza danych).

Jeśli utworzono grupy studzienek, oprogramowanie wyświetla domyślną grupę studzienek All Wells (Wszystkie studzienki) podczas otwierania okna Data Analysis (Analiza danych), wyświetlając dane ze wszystkich studzienek z zawartością na wykresach i w arkuszach kalkulacyjnych. W selektorze studzienek są tylko te studzienki z danej grupy studzienek, które mają załadowaną zawartość, a w obliczeniach w analizie danych są ujmowane tylko dane dla takich studzienek.

**Wskazówka:** Aby tworzyć, edytować i usuwać grupy studzienek, kliknąć Manage Well Groups (Zarządzaj grupami studzienek) na pasku narzędzi.

**Uwaga:** Jeśli nie utworzono żadnych grup studzienek, na pasku narzędzi nie jest wyświetlana lista rozwijana Well Groups (Grupy studzienek).

## Zmiana zawartości studzienek po analizie próbek

Podczas analizy danych zmiana sposobu wyświetlania danych poprzez zmianę zawartości studzienek w oknie Plate Editor (Edytor płytki) nigdy nie powoduje zmiany danych o fluorescencji, które zostały zebrane z każdej studzienki podczas analizy próbek. Po zebraniu danych o fluorescencji przez moduł nie można usunąć tych danych, ale można zdecydować o usunięciu ich z puli danych wyświetlanych i analizowanych.

### Zmiana zawartości studzienek po analizie próbek

- ▶ W oknie Data Analysis (Analiza danych) kliknąć Plate Setup (Konfiguracja płytki) i wybrać jedną z następujących opcji:
  - **Edit/View Plate** (Edytuj/pokaż płytkę) — otwarcie okna Plate Editor (Edytor płytki), w którym można ręcznie zmieniać układ.
  - **Replace Plate File** (Zastąp plik płytki) — otwarcie przeglądarki Select Plate (Wybierz płytkę), w której można przejść do wcześniej zapisanego pliku płytki, który ma zastąpić bieżący układ płytki.

- **Apply PrimePCR file** (Zastosuj plik PrimePCR) — otwarcie okna dialogowego Select PrimePCR file (Wybierz plik PrimePCR), w którym można przejść do pliku analizy PrimePCR i zastosować go do układu płytki.

**Wskazówka:** Można dodawać i edytować informacje o zawartości studzienki przed analizą próbek, w jej trakcie oraz po zakończeniu analizy PCR. Przed analizą próbek koniecznie trzeba przypisać tryb skanu i wielkość płytki. Tych parametrów nie można zmienić po przeprowadzeniu analizy próbek.

## Ustawienia analizy danych

Dane na wykresie Amplification (Amplifikacja) w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) przedstawiają jednostkę względną fluorescencji (RFU) dla każdej studzienki w każdym cyklu. Każda krzywa na wykresie reprezentuje dane z pojedynczego fluoroforu w jednej studzience. Te dane są używane do wyznaczania wartości  $C_q$  dla każdej studzienki i dla każdego fluoroforu z osobna. Do wyznaczania wartości  $C_q$  oprogramowanie wykorzystuje jeden z dwóch trybów:

- **Regression** (Regresja) — stosuje model wielowymiarowej regresji nieliniowej do krzywych dla indywidualnych studzienek, a następnie oblicza optymalną wartość  $C_q$  według tego modelu.
- **Single Threshold** (Pojedynczy próg) — stosuje pojedynczą wartość progową do obliczania wartości  $C_q$  na podstawie progowego punktu przecięcia pojedynczych krzywych fluorescencji.

Wybrać Settings (Ustawienia) >  $C_q$  Determination Mode (Tryb oznaczania  $C_q$ ), aby wybrać tryb oznaczania wartości  $C_q$ .

### Dostosowywanie progu

W trybie Single Threshold (Pojedynczy próg) można dostosować próg dla fluoroforu poprzez kliknięcie linii progu na wykresie Amplification (Amplifikacja) i przesunięcie kursora myszy w pionie. Można również określić dokładny progowy punkt przecięcia dla wybranego fluoroforu.

### Ustawienia wartości bazowej

Oprogramowanie automatycznie ustawia wartość bazową osobno dla każdej studzienki. Ustawienie wartości bazowej określa metodę odejmowania wartości bazowej dla wszystkich krzywych fluorescencji. W oprogramowaniu dostępne są trzy opcje odejmowania wartości bazowej:

- **No Baseline Subtraction** (Brak odejmowania wartości bazowej) — dane są wyświetlane jako krzywe fluorescencji względnej. Niektóre analizy są niemożliwe w tym trybie i dlatego oprogramowanie nie wyświetla zakładek Gene Expression (Ekspresja genu), End Point (Punkt końcowy) ani Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna).
- **Baseline Subtracted** (Odejmowanie wartości bazowej) — dane dla każdego fluoroforu w studzience są wyświetlane jako krzywe, od których odejmowana jest wartość bazowa. Oprogramowanie musi odejmować wartość bazową od danych, aby ustalić cykle oznaczenia ilościowego, utworzyć krzywe wzorcowe oraz określić stężenie nieznanymi próbek. W celu wygenerowania krzywej po odjęciu wartości bazowej oprogramowanie dopasowuje najlepszą linię prostą przez fluorescencję zarejestrowaną w każdej studzience podczas cykli z wartością bazową, a następnie odejmuje dane najlepszego dopasowania od danych, od których odejmowane jest tło w każdym cyklu.
- **Baseline Subtracted Curve Fit** (Dopasowanie krzywej po odjęciu wartości bazowej) — dane są wyświetlane jako krzywe po odjęciu wartości bazowej, a oprogramowanie wygładza tę krzywą,

używając filtra uśredniającego. Ten proces jest wykonywany w taki sposób, że każda wielkość  $C_q$  pozostaje niezmienna.

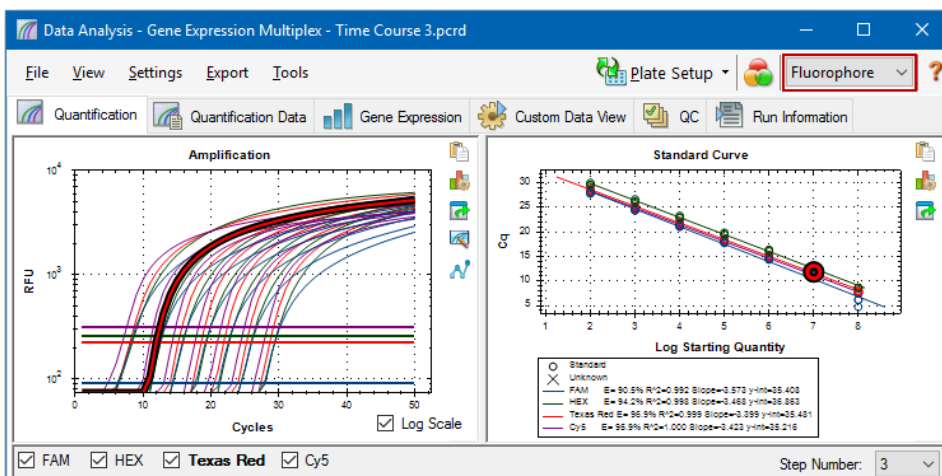
Obok tych opcji można również wybrać opcję Apply Fluorescent Drift Correction (Zastosuj korektę dryfu fluorescencji). W przypadku studzienek, z których wartości RFU wykazują nieprawidłowy dryf podczas początkowych cykli analizy, oprogramowanie wyprowadza szacunkową wartość bazową z sąsiednich studzienek, dla których pomyślnie wygenerowano poziomą wartość bazową.

### Aby zmienić ustawienie odejmowania wartości bazowej

- ▶ Wybrać opcje Settings (Ustawienia) > Baseline Setting (Ustawienie wartości bazowej).

## Analysis mode (Tryb analizy)

Dane mogą być grupowane i analizowane według fluoroforów lub nazw sekwencji docelowych. Gdy są grupowane według fluoroforów, wówczas krzywe danych są wyświetlane według fluoroforów, co jest wskazane w konfiguracji płytki dla danej analizy. Dane pojedynczych fluoroforów pojawiają się na wykresie amplifikacji i krzywej wzorcowej (jeśli jest dostępna), pod warunkiem że odpowiednie pola wyboru są zaznaczone w selektorze fluoroforów poniżej wykresu amplifikacji.



Gdy są grupowane według sekwencji docelowych, wówczas krzywe danych są wyświetlane według nazw sekwencji docelowych wprowadzonych w konfiguracji płytki dla danej analizy.

### Aby wybrać tryb analizy danych

- ▶ Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Wybrać opcje Settings (Ustawienia) > Analysis Mode (Tryb analizy).
  - Wybrać tryb z menu rozwijanego Analysis Mode (Tryb analizy) na pasku narzędzi.

## Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania)

Można ograniczyć liczbę cykli do przeanalizowania. Można też analizować dane z określonego zestawu cykli. Można przeanalizować maksymalnie 50 cykli.

**Uwaga:** Usuwanie cykli z początku analizy próbek może istotnie wpłynąć na ustalanie wartości bazowych.

### Ograniczenie analizy danych do konkretnego zakresu cykli

1. Wybrać Settings (Ustawienia) > Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania)  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania).
2. Wpisać wartości cyklu początkowego i końcowego i kliknąć OK.

Aby powrócić do cykli pierwotnie stosowanych w analizach, kliknąć Restore Defaults (Przywróć wartości domyślne) w oknie dialogowym Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania).



## Well Selector (Selektor studzienek)

Za pomocą funkcji Well Selector (Selektor studzienek) można wyświetlać lub ukrywać dane studzienek na wykresach i w arkuszach kalkulacyjnych w całym oknie Data Analysis (Analiza danych). W selektorze studzienek można wybierać tylko studzienki, do których załadowano próbki. Oprogramowanie stosuje w oknie Well Selector (Selektor studzienek) następujący kod barwny dla studzienek:

- **Niebieski** oznacza wybrane studzienki. Dane z wybranych studzienek są wyświetlane w oknie Data Analysis (Analiza danych).
- **Jasnoszary** oznacza niewybrane studzienki. Dane z niewybranych studzienek nie są wyświetlane w oknie Data Analysis (Analiza danych).
- **Ciemnoszary** oznacza puste studzienki.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A												
B				Unk1	Unk2	Unk3						
C				Unk1	Unk2	Unk3						
D				Unk1	Unk2	Unk3						
E												
F			Std1	Std2	Std3	Std4	Std5	Std6	Std7			
G			Std1	Std2	Std3	Std4	Std5	Std6	Std7			
H			Std1	Std2	Std3	Std4	Std5	Std6	Std7			

### Wyświetlenie lub ukrycie danych studzienek

- ▶ W selektorze studzienek wykonać dowolną z następujących czynności:
  - Aby ukryć jedną studzienkę, kliknąć ją. Aby wyświetlić tę studzienkę, kliknąć ją ponownie.
  - Aby ukryć wiele studzienek, przeciągnąć kursor przez studzienki, które mają być wybrane. Aby wyświetlić te studzienki, ponownie przeciągnąć przez nie kursor.
  - Kliknąć lewy górny róg płytki, aby ukryć wszystkie studzienki. Kliknąć lewy górny róg ponownie, aby wyświetlić wszystkie studzienki.
  - Kliknąć początek kolumny lub rzędu, aby ukryć odpowiednie studzienki. Kliknąć kolumnę lub rząd ponownie, aby wyświetlić te studzienki.

## Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w selektorze studzienek

Tabela 13 ukazuje opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w widoku selektora studzienek.

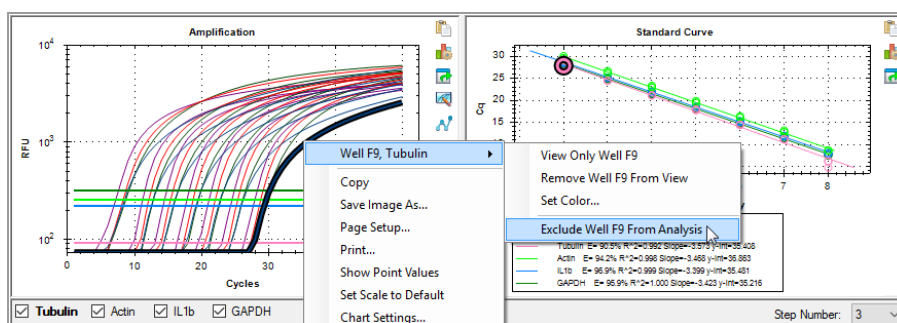
**Tabela 13. Pozycje w menu wyświetlanym po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w widoku selektorów studzienek**

Pozycja	Funkcja
Well XX (Studzienka XX)	Wyświetlenie tylko wybranej studzienki, usunięcie wybranej studzienki z widoku, ustawienie koloru wybranej studzienki lub wykluczenie wybranej studzienki z analizy danych.
Selected Wells (Wybrane studzienki) (kliknąć prawym przyciskiem myszy i przeciągnąć)	Wyświetlenie tylko wybranych studzienek, usunięcie wybranych studzienek z widoku, ustawienie koloru wybranych studzienek lub wykluczenie wybranych studzienek z analizy danych.
Copy (Kopij)	Kopiowanie do schowka zawartości studzienki, w tym parametrów Sample Type (Typ próbki) i opcjonalnie Replicate # (Nr replikatu).
Copy as Image (Kopij jako obraz)	Kopiowanie widoku selektora studzienek jako obrazu
Print (Drukuj)	Drukowanie widoku selektora studzienek
Print Selection (Drukuj wybór)	Drukowanie bieżącego wyboru.
Export to Excel (Eksportuj do Excel)	Eksport danych do arkusza kalkulacyjnego Excel.
Export to CSV (Eksportuj do CSV)	Eksportuje dane jako dokument .csv.
Export to Xml (Eksportuj do Xml)	Eksport danych jako dokumentu .xml.
Well Labels (Etykiety studzienek)	Zmiana etykiet studzienek na Sample Type (Typ próbki), Target Name (Nazwa genu docelowego) lub Sample Name (Nazwa próbki).

## Tymczasowe wykluczanie studzienek z analizy

### Aby tymczasowo wykluczyć studzienki z analizy danych

1. Kliknąć prawym przyciskiem myszy studzienkę w selektorze studzienek, na krzywej fluorescencji lub na punkcie wykreślonym na krzywej wzorcowej. Aby wykluczyć wiele studzienek, należy kliknąć prawym przyciskiem myszy i przeciągnąć kursor w celu wyróżnienia wielu studzienek, krzywych lub punktów.
2. Z menu dostępnego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy wybrać odpowiednią opcję:
  - Well (Studzienka) > Exclude Well (Wyklucz studzienkę)
  - Selected Wells (Wybrane studzienki) > Exclude from Analysis (Wyklucz z analizy)
  - Selected Traces (Wybrane krzywe) > Exclude these wells from Analysis (Wyklucz te studzienki z analizy)



W celu trwałego usunięcia studzienek z analizy należy wyczyścić zawartość tych studzienek w oknie Plate Editor (Edytor płytki), klikając przycisk Clear Wells (Wyczyść studzienki).

**Ważne:** W przypadku studzienki, której zawartość została wyczyszczona, należy ponownie wprowadzić zawartość.

### Aby uwzględnić wykluczoną studzienkę

- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem myszy odpowiednią studzienkę w selektorze studzienek, a następnie wybrać opcję Well (Studzienka) > Include in Analysis (Włącz do analizy).

## Wykresy

Każdy wykres w oknie Data Analysis (Analiza danych) prezentuje dane w różnych ujęciach graficznych i zawiera opcje dostosowywania i eksportowania danych lub grafiki z wykresem.

### Narzędzia przeznaczone dla wykresu

Tabela 14 zawiera pozycje menu dostępnego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w większości wykresów.

**Tabela 14. Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w większości wykresów**

Pozycja	Funkcja
Copy (Kopiuj)	Służy do kopiowania wykresu do schowka.
Save Image As... (Zapisz obraz jako...)	Zapisuje wykres w pliku obrazu. Należy ustawić rozdzielczość i wymiary obrazu, a następnie wybrać typ pliku (PNG, GIF, JPG, TIF lub BMP).
Page Setup... (Konfiguracja strony...)	Umożliwia wybór ustawień strony do drukowania.
Print... (Drukuj...)	Służy do drukowania wykresu.
Set Scale to Default (Ustaw skalę domyślną)	Służy do pokazywania wszystkich danych na wykresie słupkowym. Jeśli ilość punktów danych/próbek jest zbyt duża i nie można wyświetlić wszystkich w ramce wykresu, wówczas widoczne są paski przewijania.
Chart Settings (Ustawienia wykresu)	Otwiera okno dialogowe Chart Settings (Ustawienia wykresu), w którym można zmienić między innymi następujące opcje wyświetlania wykresu: <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Tytuły wykresu i osi</li> <li>■ Styl i rozmiar czcionki wykresu oraz osi</li> <li>■ Skalę osi</li> <li>■ Położenie legendy</li> </ul>

Narzędzia przeznaczone dla wykresu pojawiają się również na każdym wykresie w oknie Data Analysis (Analiza danych). Wszystkie wykresy wyświetlają te narzędzia:

**Copy to Clipboard** (Kopiuj do schowka) — służy do skopiowania zawartości widoku wykresu do schowka.

**Chart Settings** (Ustawienia wykresu) — służy do otwierania okna dialogowego Chart Settings (Ustawienia wykresu), w którym można zmienić opcje wyświetlania wykresu.

**Export** (Eksportuj) — służy do otwierania okna dialogowego Export Options (Opcje eksportu), w którym można zmodyfikować rozdzielczość i rozmiar wykresu, a następnie zapisać wykres w podanej lokalizacji jako plik jednego z poniższych typów:

- .bmp
- .jpg
- .png

### Narzędzia przeznaczone dla wykresu słupkowego

Dla wykresów słupkowych, obok standardowych narzędzi dla wykresów, wyświetlane są następujące narzędzia:

**Sort** (Sortuj) — służy do sortowania genów docelowych oraz próbek w kolejności alfabetycznej albo odwrotnej kolejności alfabetycznej.

**Color Settings** (Ustawienia koloru) — służy do otwierania okna dialogowego Color Settings (Ustawienia koloru), w którym można zmienić kolory genów docelowych oraz próbek.

Więcej informacji na temat tych narzędzi przedstawiono w rozdziale [Wprowadzanie zmian do widoku wykresu i dodawanie adnotacji do tego widoku na stronie 283](#).

### Narzędzia przeznaczone dla wykresu amplifikacji

Dla wykresów amplifikacji, obok standardowych narzędzi dla wykresów, wyświetlane są następujące narzędzia:

**Trace Styles** (Style krzywej) — umożliwia otwarcie okna dialogowego Trace Styles (Style krzywej), w którym można modyfikować wygląd krzywych na wykresie amplifikacji.

**Baseline Threshold** (Próg bazowy) — umożliwia otwarcie okna dialogowego Baseline Threshold (Próg bazowy), w którym można modyfikować domyślną wartość bazową dla wybranych studzienek albo zmieniać wartość progową dla poszczególnych krzywych fluorescencji na wykresie amplifikacji.

### Kopiowanie danych wykresu do schowka

Można skopiować zawartość widoku wykresu i wkleić ją do dowolnego programu, który obsługuje bitmapowe pliki graficzne.

#### Kopiowanie danych wykresu do schowka

1. Z narzędzi wykresów wybrać ikonę Copy To Clipboard (Kopiuj do schowka).
2. Otworzyć program obsługujący obrazy bitmapowe, np. Microsoft Word.

3. Kliknąć prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Paste (Wklej), aby wkleić obraz bitmapowy ze schowka do tego programu.

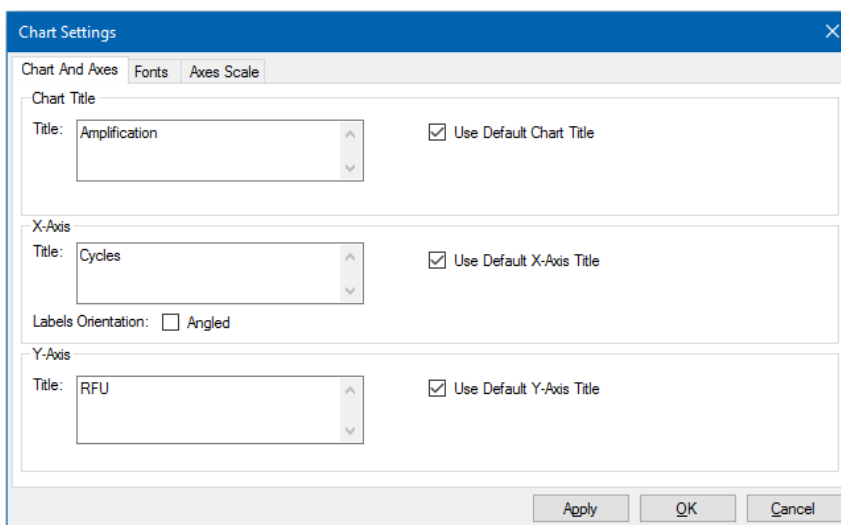
## Zmiana ustawień wyświetlania wykresu

W celu zmiany tytułów, czcionek i rozmiarów, skali osi oraz położenia legendy na wyświetlanym wykresie należy skorzystać z okna dialogowego Chart Settings (Ustawienia wykresu). Wprowadzone zmiany obowiązują tylko względem wyświetlanego wykresu i są zapisywane z tym wykresem.

### Aby zmienić ustawienia wyświetlania wykresu

1. Z obszaru narzędzi wykresu kliknąć opcję Chart Settings (Ustawienia wykresu).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Chart Settings (Ustawienia wykresu).



2. Wybrać zakładkę Chart And Axes (Wykres i osie), aby:
  - Wpisać tytuł dla wykresu.
  - Wpisać nowy tytuł dla osi x oraz ustawić etykiety.
  - Wpisać nowy tytuł dla osi y.
3. Wybrać zakładkę Fonts (Czcionki), aby zmienić styl i rozmiar czcionki na wykresie.

**Wskazówka:** Domyślnie rozmiar czcionki jest automatycznie skalowany w miarę zmiany rozmiaru wykresu. Aby ustawić statyczny rozmiar czcionki dla każdego typu etykiety, należy wybrać opcję Change Font Size (Zmień rozmiar czcionki).

4. Wybrać kartę Axes Scale (Skale osi), aby:
  - Wyłączyć automatyczne skalowanie osi x i y oraz określić skalę minimum i maksimum.

- Wybrać opcję wyświetlania linii siatki i znaczników na wykresie.
5. Wybrać kartę Legend (Legenda), aby:
    - Wybrać ukrycie legendy.
    - Zmienić domyślne położenie legendy wykresu.

**Uwaga:** Jeśli legenda jest ustawiona po lewej lub prawej stronie wykresu, wówczas wyświetlane są na niej informacje dotyczące tylko pierwszych dziesięciu fluoroforów z wykresu.
  6. Aby zobaczyć zmiany ustawień wykresu bez zapisywania zmian, należy w dowolnym momencie wybrać opcję Apply (Zastosuj).
  7. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i powrócić do wykresu.

### Eksportowanie wykresu

W tym oknie dialogowym można zmodyfikować szerokość, wysokość i rozdzielczość wykresu w celu wyeksportowania go do jednego z następujących formatów:

- .bmp
- .jpg
- .png

Następnie można wykorzystać wyeksportowany wykres w celu przedstawienia swoich wyników w sesjach posterowych, prezentacjach w programie Microsoft PowerPoint oraz w czasopiśmie branżowych.

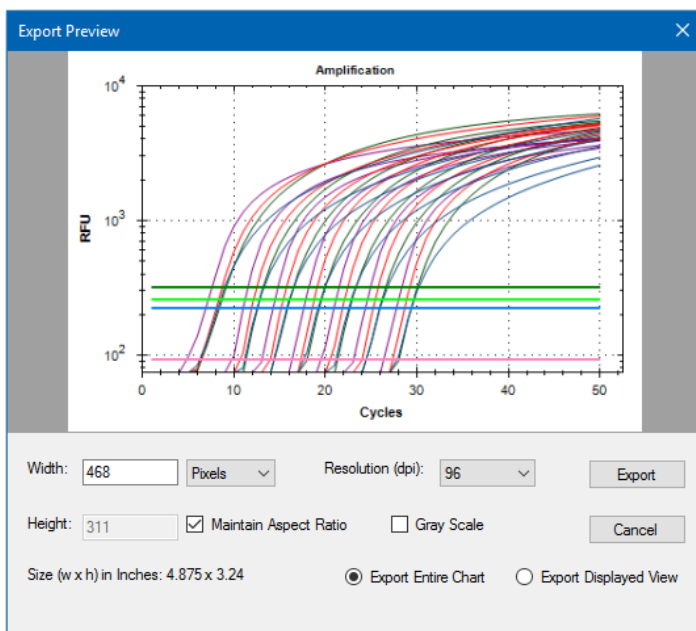
**Uwaga:** Przy modyfikowaniu ustawień uwzględnić następujące zasady:

- Graniczne maksymalne i minimalne szerokości i wysokości:
  - Przy 72 dpi: 0,1–83 cali
  - Przy 96 dpi: 0,1–62 cali
  - Przy 150 dpi: 0,1–40 cali
  - Przy 300 dpi: 0,1–20 cali
  - Przy 600 dpi: 0,1–10 cali
  - Przy wszystkich rozdzielczościach: 2–6000 pikseli
- Współczynnik proporcji bazuje na szerokości.

## Eksport wykresu

1. Kliknąć Export (Eksport) w narzędziach wykresu.

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Export Preview (Podgląd eksportu).



2. Zmodyfikować ustawienia wyświetlanych treści w zależności od wymagań.
3. Kliknąć Export (Eksportuj).
4. W oknie dialogowym Export (Eksport) wykonać następujące czynności:
  - a. (Opcjonalnie) Przejść do folderu, w którym ma być zapisany plik z wykresem.
  - b. Wpisać nazwę pliku i wybrać typ pliku z listy rozwijanej.
5. Kliknąć Save (Zapisz), aby zapisać plik wykresu.

## Modyfikacja ustawień progu bazowego

W trybie Single Threshold (Pojedynczy próg) można dostosować próg dla fluoroforu poprzez kliknięcie linii progu na wykresie Amplification (Amplifikacja) i przesunięcie kursora myszy w pionie. Można również określić dokładny progowy punkt przecięcia dla wybranego fluoroforu.

**Wskazówka:** W opcji User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika) w zakładce Data Analysis (Analiza danych) można określić zakres cyklu w celu wyznaczenia wartości bazowej dla wszystkich plików danych.



### Dostosowanie początkowego i końcowego bazowego cyklu dla każdej studzienki

1. W zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) wybrać pojedynczy fluorofor pod wykresem Amplification (Amplifikacja).
2. Z narzędzi wykresów wybrać Baseline Threshold (Próg bazowy).  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Baseline Threshold (Próg bazowy).
3. W części Baseline Cycles (Cykle bazowe) wykonać jedną z następujących czynności:
  - Aby wybrać jedną studzienkę, kliknąć numer jej rzędu.
  - Aby wybrać wiele sąsiednich studzienek, kliknąć numer rzędu pierwszej studzienki i przeciągnąć kolumnę w dół do ostatniej studzienki.
  - Aby wybrać wiele niesąsiadujących studzienek, nacisnąć klawisz Ctrl i klikać numery rzędu każdej docelowej studzienki.
  - Aby wybrać wszystkie studzienki, kliknąć lewy górny narożnik tabeli.
4. Dostosować cykl Baseline Begin (Bazowy początkowy) i cykl Baseline End (Bazowy końcowy) dla wszystkich wybranych studzienek lub zmienić numer cyklu Begin (Początek) i End (Koniec) na dole arkusza kalkulacyjnego.  
**Wskazówka:** Aby przywrócić ostatnie zapisane wartości ustawień, kliknąć Reset All User Defined Values (Resetuj wszystkie wartości definiowane przez użytkownika).
5. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i powrócić do wykresu.

### Określenie zakresu cyklu dla wszystkich plików danych

- ▶ W oknie Home (Strona główna) lub Plate Editor (Edytor płytki) wybrać User (Użytkownik) > User Preferences (Preferencje użytkownika) i wybrać zakładkę Data Analysis (Analiza danych).

### Sortowanie danych genów docelowych, próbek i grup biologicznych

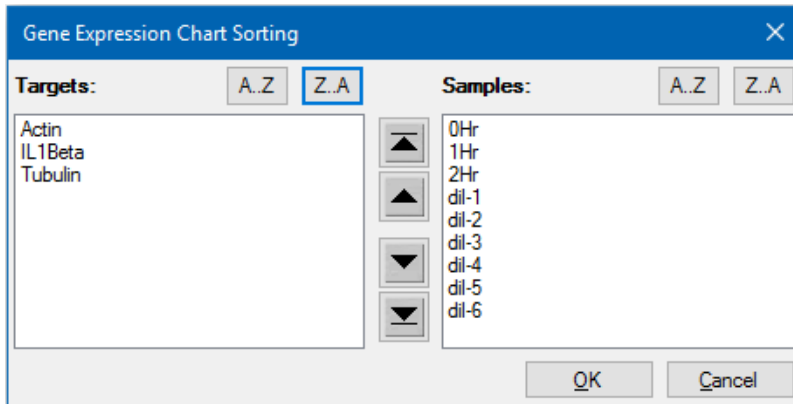
**Uwaga:** Ta opcja jest dostępna tylko na wykresach ekspresji genu.

Domyślnie listy Targets (Geny docelowe), Samples (Próbki) i Biological Groups (Grupy biologiczne) są wyświetlane w porządku alfabetycznym. W oknie dialogowym Sort (Sortuj) można posortować wyświetlane pozycje w porządku odwrotnym do alfabetycznego lub można ręcznie przesunąć daną pozycję w inne miejsce na liście.

### Aby sortować dane genów docelowych, próbek i grup biologicznych

1. Kliknąć Sort (Sortuj) w narzędziach wykresu.

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Gene Expression Chart Sorting (Sortowanie wykresu ekspresji genu).



2. W oknie dialogowym kliknąć Z-A, aby posortować listę w porządku odwrotnym do alfabetycznego.
3. Aby ręcznie przesunąć daną pozycję, wybrać ją i kliknąć odpowiedni przycisk między tablicami:
  - Kliknąć strzałkę w górę lub w dół, aby przesunąć wybraną pozycję o jedno miejsce.
  - Kliknąć strzałkę z kreską w górę lub w dół, aby przesunąć wybraną pozycję na górę lub na dół listy.
4. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i powrócić do zakładki Gene Expression (Ekspresja genu).

## Zmiana ustawień kolorów genów docelowych i próbki

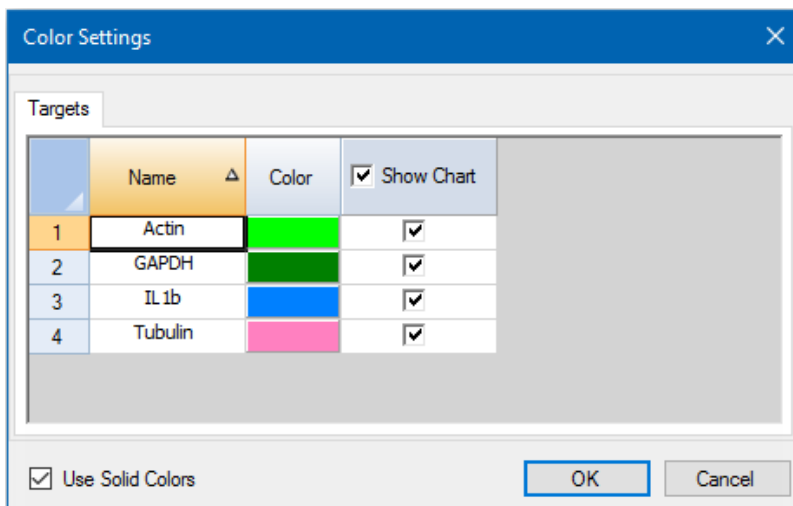
**Uwaga:** Ta opcja jest dostępna tylko na wykresach ekspresji genu.

W oknie dialogowym Color Settings (Ustawienia kolorów) można zmienić kolor dla genów docelowych lub próbki, albo można usunąć wybrany element z wykresu.

### Aby zmienić ustawienia kolorów

1. W obszarze Chart Tools (Narzędzia obsługi wykresu) wybrać opcję Color Settings (Ustawienia kolorów).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Color Settings (Ustawienia kolorów).



2. Aby zmienić kolor wyświetlania genu docelowego lub próbki, należy kliknąć jego lub jej kolor w kolumnie Color (Kolor).
3. W wyświetlonym wtedy oknie dialogowym Color (Kolor) wybrać nowy kolor i kliknąć przycisk OK.
4. Aby usunąć element z wykresu Gene Expression (Ekspresja genu), należy usunąć zaznaczenie pola wyboru tego elementu w kolumnie Show Chart (Pokaż wykres).

**Wskazówka:** Aby usunąć wszystkie elementy z wykresu Gene Expression (Ekspresja genu), należy usunąć zaznaczenie pola wyboru Show Chart (Pokaż wykres) w nagłówku kolumny.

5. (Opcjonalnie) Domyślnie wykres słupkowy jest wyświetlany z kolorem gradientowym. Aby wyświetlić kolor pełny, należy wybrać opcję Use Solid Colors (Użyj kolorów pełnych).
6. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i powrócić do zakładki Gene Expression (Ekspresja genu).

## Powiększanie obszaru na wykresie

### Aby powiększyć obszar na wykresie

- ▶ Kliknąć i przeciągnąć kursor na wykresie, a następnie kliknąć opcję Zoom (Powiększenie). Oprogramowanie zmieni rozmiar wykresu i ustawi wybrany obszar na środku.

**Uwaga:** W przypadku wykresu słupkowego nie trzeba klikać polecenia podręcznego Zoom (Powiększenie).

### Aby przywrócić pełny widok wykresu

- ▶ Kliknąć wykres prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Set Scale to Default (Ustaw skalę domyślną).

## Kopiowanie wykresów do pliku w formacie Microsoft

Można kopiować wykresy z danymi do dokumentów w programach Microsoft Word, Excel i PowerPoint. Rozdzielczość obrazu odpowiada rozdzielczości ekranu, z którego uzyskano ten obraz.

### Kopiowanie wykresów do pliku w formacie Microsoft

1. W oknie Data Analysis (Analiza danych) kliknąć Copy To Clipboard (Kopiuj do schowka) w prawym górnym rogu panelu wykresów.
2. Otworzyć pusty plik Microsoft i wkleić zawartość schowka.

## Wspólne pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresach

Tabela 15 zawiera listę pozycji, które są dostępne w menu wyświetlanym po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresach. Niektóre z tych elementów są obecne dla wszystkich wykresów, w tym elementy umożliwiające zmianę sposobu wyświetlania danych lub łatwe eksportowanie danych z wykresu.

**Tabela 15. Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresach**

Pozycja	Funkcja
Copy (Kopiuj)	Służy do kopiowania wykresu do schowka.
Save Image As (Zapisz obraz jako)	Zapisuje obraz z podanym rozmiarem, podaną rozdzielczością i jako obraz wybranego typu, w tym PNG (domyślnie), JPG i BMP.

Pozycja	Funkcja
Page Setup (Konfiguracja strony)	Wyświetla opcje konfiguracji drukowania.
Print (Drukuj)	Służy do drukowania wykresu.
Set Scale to Default (Ustaw skalę domyślną)	Przywraca domyślny widok wykresu po jego powiększeniu.
Chart Options (Opcje wykresu)	Służy do otwierania okna Chart Options (Opcje wykresu), w którym można wprowadzić zmiany względem wykresu — między innymi jego tytuł, ustawić limity dla osi x i y, linie siatki, wyświetlić pomocnicze znaczniki na osiach.

**Uwaga:** Opcje menu dotyczące konkretnych wykresów zostały opisane w sekcji [Rozdział 11, Szczegóły okna Data Analysis \(Analiza danych\)](#).

## Arkusze kalkulacyjne

Arkusze kalkulacyjne widoczne w obszarze Data Analysis (Analiza danych) zawierają opcje przeznaczone do sortowania i przesyłania danych. Kolumny można sortować, korzystając z jednej z następujących metod:

- Kliknąć kolumnę i przeciągnąć ją w nowe miejsce w wybranej tabeli.
- Kliknąć nagłówek kolumny, aby posortować dane w kolejności rosnącej lub malejącej.

### Aby posortować maksymalnie trzy kolumny danych w oknie Sort (Sortuj)

1. Kliknąć prawym przyciskiem myszy w arkuszu kalkulacyjnym i wybrać opcję Sort (Sortuj).
2. W oknie dialogowym Sort (Sortuj) wybrać tytuł pierwszej kolumny do sortowania. Posortować dane w kolejności rosnącej lub malejącej.
3. Wybrać drugą lub trzecią kolumnę do posortowania, a następnie wybrać opcję Ascending (Rosnąco) lub Descending (Malejąco).
4. Kliknąć przycisk OK, aby posortować dane, lub kliknąć przycisk Cancel (Anuluj), aby zatrzymać sortowanie.

**Wskazówka:** Następnie należy wyróżnić dane na powiązanych wykresach i w selektorze studzienek, przytrzymując wskaźnik myszy nad komórką. Kliknąć w komórce, aby skopiować jej zawartość i wkleić ją do innego programu.

## Wspólne pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w arkuszach kalkulacyjnych

Tabela 16 zawiera pozycje w menu wyświetlanym po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w widoku dowolnego arkusza kalkulacyjnego.

**Tabela 16. Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w arkuszach kalkulacyjnych**

Pozycja	Funkcja
Copy (Kopiuj)	Kopiowanie zawartości wybranych studzienek do schowka; następnie można wkleić zawartość do arkusza kalkulacyjnego takiego jak Excel.
Copy as Image (Kopiuj jako obraz)	Kopiowanie widoku arkusza kalkulacyjnego jako pliku graficznego; następnie można wkleić go do pliku obsługującego pliki graficzne, takiego jak plik tekstowy, plik graficzny czy plik arkusza kalkulacyjnego.
Print (Drukuj)	Drukowanie bieżącego widoku.
Print Selection (Drukuj wybór)	Drukowanie bieżącego wyboru.
Export to Excel (Eksportuj do Excel)	Eksport danych do arkusza kalkulacyjnego Excel.
Export to Text (Eksportuj do tekstu)	Eksport danych do edytora tekstu.
Export to CSV (Eksportuj do CSV)	Eksportuje dane do pliku .csv.
Export to Xml (Eksportuj do Xml)	Eksport danych do pliku .xml.
Export to Html (Eksportuj do Html)	Eksport danych do pliku .html.
Find (Znajdź)	Wyszukiwanie tekstu.
Sort (Sortuj)	Sortowanie danych w maksymalnie trzech kolumnach.
Select Columns (Wybierz kolumny)	Wybór kolumn do wyświetlania w arkuszu kalkulacyjnym.

## Eksport

CFX Maestro Dx SE zapewnia kilka opcji eksportu dostępnych w menu rozwijanym Export (Eksport):

- Export All Data Sheets (Eksportuj wszystkie arkusze danych)
- Export RDML Files (Eksportuj pliki RDML)
- Custom Export (Eksport niestandardowy)
- Export to LIMS Folder (Eksportuj do folderu LIMS)
- Manual Export (Eksport ręczny)

### Eksportowanie wszystkich arkuszy danych

Można wyeksportować wszystkie widoki arkuszy kalkulacyjnych z każdej zakładki CFX Maestro Dx SE do osobnych plików.

#### Eksport wszystkich arkuszy danych

- ▶ Wybrać Export (Eksport) > Export All Data Sheets (Eksportuj wszystkie arkusze danych) i następnie wybrać potrzebny typ pliku:

- CSV (\*.csv)
- tekstowy (\*.txt)
- Excel Workbook (\*.xlsx)

Eksportowane analizy są zapisywane w wielu plikach skoroszytu programu Excel z jedną kartą arkusza danych analizy na plik. Gdy analiza obejmuje wiele fluoroforów, dane z każdego fluoroforu są eksportowane do osobnej karty arkusza.

- Skoroszyt programu Excel - połączony (\*.xlsx)

Eksportowane analizy są zapisywane w jednym pliku skoroszytu programu Excel, który zawiera wiele kart arkusza, po jednej dla każdego zestawu danych do analizy.

- Excel 97 - 2003 (\*.xls)

**Ważne:** Abyś mógł eksportować dane do arkusza kalkulacyjnego Microsoft Excel, na Twoim komputerze musi być zainstalowany program Microsoft Excel.

- XML (\*.xml)



## Eksportowanie plików RDML

RDML to ustrukturyzowany, uniwersalny standard danych na potrzeby wymiany ilościowych danych PCR (qPCR). Standard danych jest plikiem tekstowym w formacie Extensible Markup Language (.xml) (Rozszerzalny język znaczników). Dodatkowe informacje o formacie wymiany danych RDML można znaleźć na witrynie internetowej International RDML Consortium ([www.rdml.org](http://www.rdml.org)).

**Ważne:** Wyeksportowane pliki RDML zawierają dane analizy z ustawieniami linii bazowej, które stosujesz w oknie Data Analysis (Analiza danych). Aby uzyskać więcej informacji na temat ustawień wartości bazowej, patrz [Ustawienia wartości bazowej na stronie 213](#).

**Uwaga:** Plik RDML należy zapisać w wersji 1.1 w przypadku korzystania z oprogramowania qbase+ w wersji 2.3 lub nowszej.

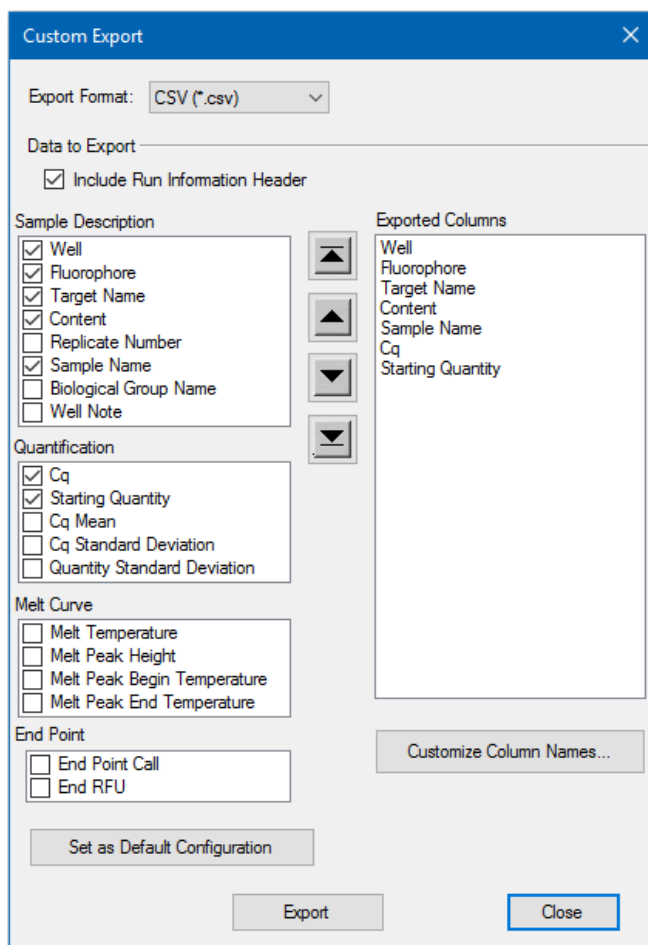
### Eksport pliku RDML

1. Wybrać Export (Eksport) > Export RDML Files (Eksportuj pliki RDML), a następnie wybrać RDML v1.1 lub RDML v1.0 z wyświetlonej wtedy listy.  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Save As (Zapisz jako).
2. W oknie dialogowym Save As (Zapisz jako) wpisać nazwę pliku i wskazać miejsce, w którym ma być zapisany plik RDML.
3. Kliknąć OK, aby zapisać wyeksportowany plik.

## Tworzenie niestandardowego eksportowanego pliku

### Utworzenie niestandardowego eksportowanego pliku

1. Wybrać Export (Eksport) > Custom Export (Eksport niestandardowy) Zostanie wyświetlone okno dialogowe Custom Export (Eksport niestandardowy).



2. Wybrać format eksportu z wyświetlonej listy rozwijanej.
3. Zaznaczyć pola wyboru pozycji do wyeksportowania.
4. (Opcjonalnie) Kliknąć Customize Column Names (Dostosuj nazwy kolumn), aby zmienić nazwy kolumn.
5. Kliknąć Export (Eksportuj). Zostanie wyświetlone okno dialogowe Save As (Zapisz jako).

6. W oknie dialogowym Save As (Zapisz jako) wpisać nazwę pliku i wskazać miejsce, w którym ma być zapisany eksportowany plik.
7. Kliknąć OK, aby zapisać wyeksportowany plik.

## Eksportowanie do folderu LIMS

Dane można wyeksportować do formatu pliku zgodnego z systemem LIMS. Więcej informacji na temat tworzenia i używania plików LIMS oraz zarządzania tymi plikami zawiera [Załącznik C, Integracja z systemem LIMS](#).

### Aby wyeksportować dane w formacie LIMS

1. Należy wybrać opcje Export (Eksport) > Export to LIMS Folder (Eksportuj do folderu LIMS).  
Zostanie wyświetlone okno dialogowe Save As (Zapisz jako).
2. W oknie dialogowym Save As (Zapisz jako) wpisać nazwę pliku i wskazać miejsce, w którym ma być zapisany eksportowany plik.
3. Kliknąć OK, aby zapisać wyeksportowany plik.

## Eksportowanie danych w formacie Seegene

Można wyeksportować dane ze wszystkich widoków arkuszy kalkulacyjnych do plików Excel ze strukturą specjalnie dostosowaną do użycia przez Seegene, Inc.

**Wskazówka:** Można także automatycznie uruchomić przeglądarkę Seegene Viewer po zakończeniu eksportu. Aby uzyskać więcej informacji, patrz [Polecenia menu Tools \(Narzędzia\) na stronie 71](#).

### Eksport danych w formacie Seegene

1. Wybierz Export (Eksport) > Manual Export (Eksport ręczny).  
Wyświetlone zostanie okno dialogowe Browse For Folder (Przeglądaj w poszukiwaniu folderu).
2. W oknie dialogowym Browse For Folder (Przeglądaj w poszukiwaniu folderu) wskazać folder, w którym mają być zapisane wyeksportowane pliki Excel (.xlsx) w formacie Seegene.  
Analizy są eksportowane w wielu plikach skoroszytu programu Excel z jedną kartą arkusza danych analizy na plik.
3. Kliknąć OK, aby zapisać wyeksportowane pliki.



## Rozdział 11 Szczegóły okna Data Analysis (Analiza danych)

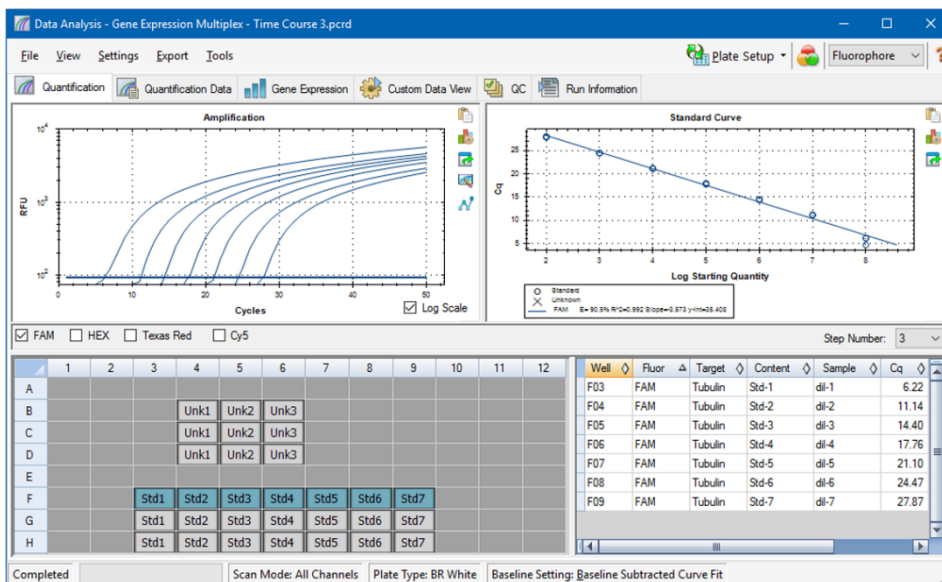
Okno Data Analysis (Analiza danych) w produkcie Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security zawiera liczne zakładki, w których można przeglądać dane. W tym rozdziale szczegółowo opisano te zakładki.

**Wskazówka:** W menu View (Widok) można wybrać zakładki, które będą widoczne w oknie Data Analysis (Analiza danych). Indywidualnie dostosowany układ jest zapisywany wraz z plikiem danych.

## Zakładka Quantification (Oznaczenie ilościowe)

Dane dostępne na zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) można wykorzystać w celu skonfigurowania warunków analizy danych, co obejmuje ustawienia wartości bazowej dla poszczególnych studzienek oraz ustawienia wartości progowych. Zakładka Quantification (Oznaczenie ilościowe) przedstawia dane w następujących czterech widokach:

- Amplification chart (Wykres amplifikacji) — przedstawia wartość RFU dla każdej studzienki z każdego cyklu. Każda krzywa na wykresie reprezentuje dane z pojedynczego fluoroforu w jednej studzience.
- Krzywa wzorcowa — pojawia się tylko wtedy, gdy analiza obejmuje studzienki wyznaczone na wzorec typu próbki (Std.) Krzywa wzorcowa przedstawia cykl wartości progowych w funkcji logarytmu ilości początkowej. Legenda wyświetla wydajność reakcji (E) dla każdego fluoroforu w studzienkach z próbkami standardowymi.
- Well selector (Selektor studzienek) — umożliwia wybranie do wyświetlenia studzienek z danymi fluorescencji.
- Arkusz kalkulacyjny — wyświetla arkusz kalkulacyjny danych zebranych w wybranych studzienkach.



## Opcje fluoroforu

Aby wyświetlić dane fluoroforu w wykresach i arkuszach kalkulacyjnych na zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe), należy wybrać fluorofor docelowy pod wykresem Amplification Chart (Wykres

amplifikacji). Aby ukryć dane fluoroforu w oknie analizy danych, należy usunąć zaznaczenie jego pola wyboru.

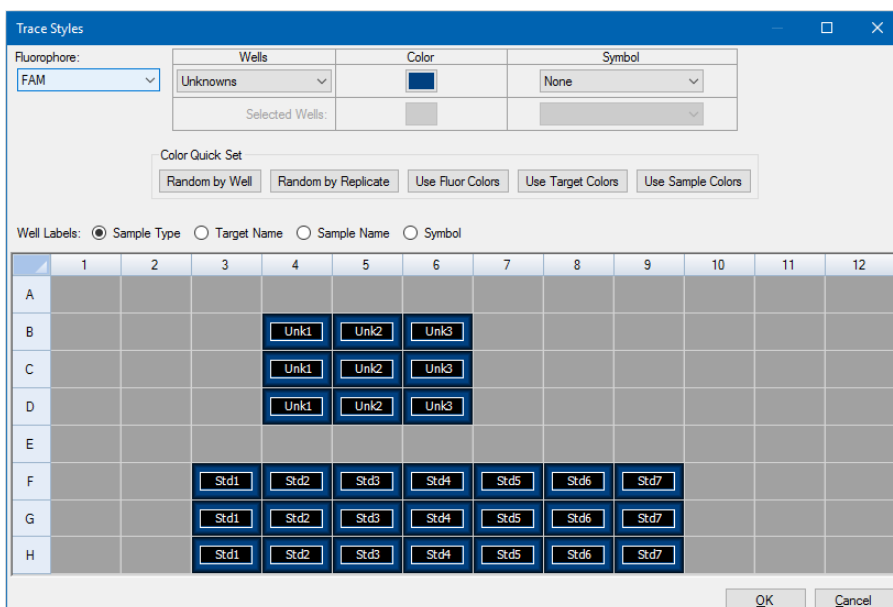
## Okno dialogowe Trace Styles (Style krzywej)

W oknie dialogowym Trace Styles (Style krzywej) można dostosować wygląd krzywych na wykresach amplifikacji i krzywej topnienia w zakładkach Quantification (Oznaczenie ilościowe) i Melt Curve (Krzywa topnienia). Zmiany można przeglądać w selektorze studzienek wyświetlanym w oknie dialogowym Trace Styles (Style krzywej).

### Dostosowanie stylów krzywej

- Wybrać tylko jeden fluorofor pod wykresem Amplification (Amplifikacja).
- Aby otworzyć okno dialogowe Trace Styles (Style krzywej), wykonać jedną z następujących czynności:
  - kliknąć Trace Styles (Style krzywej) na wykresie Amplification (Amplifikacja),
  - wybrać Settings (Ustawienia) > Trace Styles (Style krzywej) na pasku menu Data Analysis (Analiza danych),
  - kliknąć krzywą prawym przyciskiem myszy i wybrać Trace Styles (Style krzywej).

Wyświetlane jest okno dialogowe Trace Styles (Style krzywej).

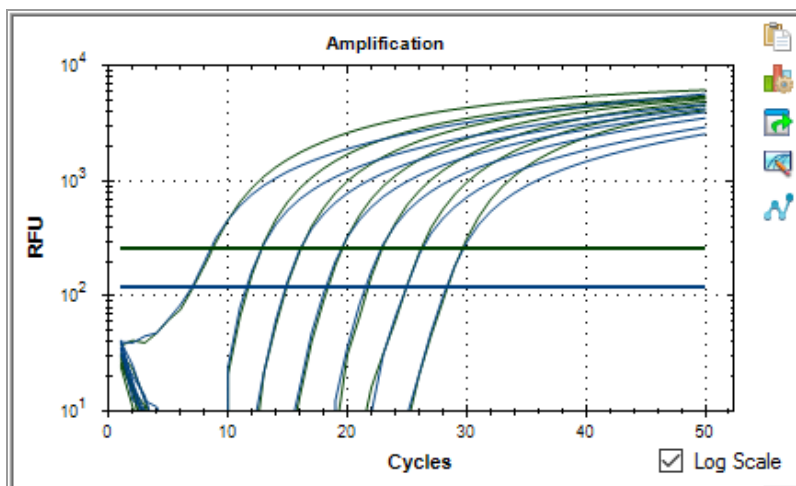




3. Wybrać konkretny zestaw studzienek w selektorze studzienek w dolnym panelu w oknie dialogowym Trace Styles (Style krzywej). Zamiast tego można wybrać studzienki, które zawierają jeden typ próbki, korzystając z menu rozwijanego w kolumnie Wells (Studzienki).
4. Wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Aby wybrać kolor dla wybranych studzienek, kliknąć pole w kolumnie Color (Kolor).
  - Aby przypisać symbol do wybranych studzienek, wybrać symbol z listy rozwijanej Symbols (Symbole).
  - Aby szybko pokolorować studzienki według etykiet przycisków, kliknąć odpowiedni szybki zestaw:
    - Random by Well (Losowo wg studzienki),
    - Random by Replicate (Losowo wg replikatu),
    - Use Fluor Colors (Użyj kolorów fluoroforów),
    - Use Target Colors (Użyj kolorów genów docelowych),
    - Use Sample Colors (Użyj kolorów próbek).
  - Aby przypisać etykiety studzienek, wybrać Sample Type (Typ próbki), Target Name (Nazwa genu docelowego), Sample Name (Nazwa próbki) lub Symbol.

## Opcja Log Scale (Skala logarytmiczna)

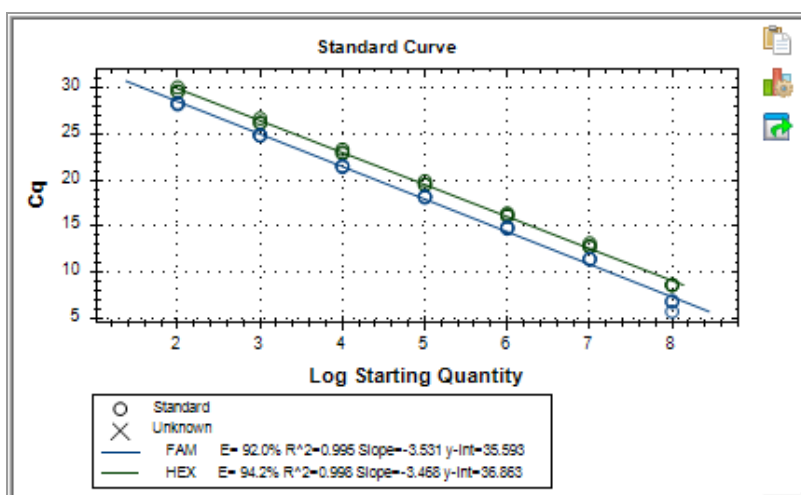
Wybrać Log Scale (Skala logarytmiczna) pod wykresem Amplification (Amplifikacja), aby przeglądać krzywe fluorescencji w skali półlogarytmicznej:



**Wskazówka:** W celu powiększenia dowolnego obszaru na wykresie, przeciągnąć kursor przez obszar docelowy. Aby powrócić do widoku pełnego, kliknąć wykres prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Set Scale to Default (Ustaw skalę domyślną).

## Wykres krzywej wzorcowej

Oprogramowanie tworzy wykres Standard Curve (Krzywa wzorcowa) w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe), jeśli dane obejmują typ próbki zdefiniowany jako Std (Wzorzec) dla co najmniej jednego fluoroforu w danej analizie próbek.



Na wykresie Standard Curve (Krzywa wzorcowa) wyświetlane są następujące informacje:

- Nazwa każdej krzywej (fluoroforu lub genu docelowego).
- Kolor każdego fluoroforu lub genu docelowego.
- Wydajność reakcji (E). Za pomocą tej statystyki można zoptymalizować reakcję multipleksową i wyrównać dane dla krzywej wzorcowej.

**Uwaga:** Wydajność reakcji wskazuje ilość genu docelowego produkowanego w każdym cyklu z protokołu. Wydajność równa 100% oznacza, że każdy cykl powoduje podwojenie ilości genu docelowego.

- Współczynnik determinacji R<sup>2</sup> (pisany jako R<sup>2</sup>). Za pomocą tej statystyki można określić, na ile poprawnie linia opisuje dane (zgodność dopasowania).
- Slope (Nachylenie)
- Przecięcie z osią Y.

## Opcje menu wykresu Amplification (Amplifikacja)

Oprócz wspólnych pozycji menu dla wykresów wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy (zob. rozdział [Wspólne pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresach na stronie 227](#)) są też opcje menu dostępne tylko na wykresie Amplification (Amplifikacja). Są one przedstawione w sekcji [Tabela 17](#).

**Tabela 17. Pozycje menu dla wykresu Amplification (Amplifikacja) wyświetlanego po kliknięciu prawym i lewym przyciskiem myszy**

Opcja menu	Funkcja
Well XX, Fluor Target (Studzienka XX, fluorofor, gen docelowy)	Wyświetlenie tylko wybranej studzienki, usunięcie wybranej studzienki z widoku, ustawienie koloru wybranej krzywej lub wykluczenie wybranej studzienki z analizy danych.
Selected Traces (Wybrane krzywe)	Wyświetlenie tylko wybranych studzienek, usunięcie wybranych studzienek z widoku, ustawienie koloru wybranych krzywych lub wykluczenie wybranych studzienek z analizy danych.
Show Threshold Values (Pokaż wartości progowe)	Wyświetlenie wartości progowej dla każdej krzywej amplifikacji na wykresie.
Trace Styles (Style krzywej)	Otwarcie okna Trace Styles (Style krzywej) w celu zmiany stylów krzywej, które są wyświetlane w zakładkach Quantification (Oznaczenie ilościowe) i Melt Curve (Krzywa topnienia).
Baseline Thresholds (Progi bazowe)	Otwarcie okna Baseline Thresholds (Progi bazowe) w celu zmiany wartości bazowych lub progowych dla każdego fluoroforu (zmiany są wyświetlane na wykresie Amplification (Amplifikacja) w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe)).

## Arkusze kalkulacyjny w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe)

[Tabela 18](#) zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym na zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe).

**Tabela 18. Zawartość arkusza kalkulacyjnego w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe)**

<b>Informacja</b>	<b>Opis</b>
Well (Studzienka)	Pozycja studzienki w płytce.
Fluor (Fluorofor)	Wykryty fluorofor.
Targets (Sekwencje docelowe)	Nazwa sekwencji docelowej podana dla studzienek w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
Content (Zawartość)	Połączenie typu próbki (wymagany) i numeru replikatu (opcjonalnie) podanych w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
Sample (Próbka)	Nazwa próbki załadowanej podana dla studzienek w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
$C_q$	Cykl oznaczenia ilościowego dla poszczególnych krzywych.

### Zmiana danych genu docelowego, zawartości i próbki

Dane w kolumnach Target (Sekwencja docelowa), Content (Zawartość) i Sample (Próbka) można zmieniać, edytując plik próbki w edytorze Plate Editor (Edytor płytki) nawet po uruchomieniu eksperymentu.

#### Aby zmienić dane w kolumnach Target (Sekwencja docelowa), Content (Zawartość) i Sample (Próbka)

- ▶ Należy kliknąć opcję Plate Setup (Konfiguracja płytki) i wybrać opcję View/Edit Plate (Wyświetl/edytuj płytkę), aby otworzyć obszar Plate Editor (Edytor płytki).

## Zakładka Quantification Data (Dane oznaczenia ilościowego)

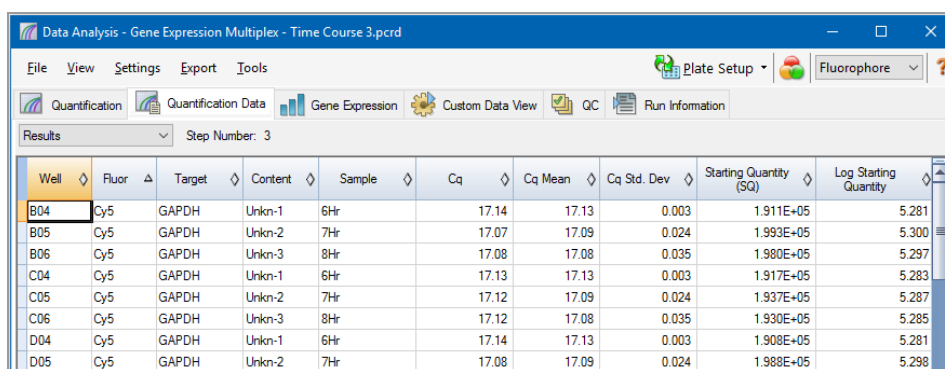
W zakładce Quantification Data (Dane oznaczenia ilościowego) wyświetlane są dane oznaczenia ilościowego zebrane dla każdej studzienki. CFX Maestro Dx SE wyświetla dane w czterech różnych widokach arkusza kalkulacyjnego:

- Results (Wyniki) — wyświetlanie arkusza kalkulacyjnego z danymi. Ten widok jest domyślny.
- Standard Curve Results (Wyniki krzywej wzorcowej) — wyświetlanie arkusza kalkulacyjnego z danymi krzywej wzorcowej.
- Plate (Płytką) — wyświetlanie danych w każdej studzience w postaci mapy płytki.
- RFU — wyświetlanie wielkości RFU w każdej studzience dla każdego cyklu.

Każdy z arkuszy kalkulacyjnych można wybrać z listy rozwijanej wyświetlonej pod zakładką Quantification Data (Dane oznaczenia ilościowego).

## Arkusz kalkulacyjny Results (Wyniki)

Arkusz kalkulacyjny Results (Wyniki) przedstawia dane dla poszczególnych studzienek w płytce.



Well	Fluor	Target	Content	Sample	Cq	Cq Mean	Cq Std. Dev	Starting Quantity (SQ)	Log Starting Quantity
B04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.14	17.13	0.003	1.911E+05	5.281
B05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.07	17.09	0.024	1.993E+05	5.300
B06	Cy5	GAPDH	Unkn-3	8Hr	17.08	17.08	0.035	1.980E+05	5.297
C04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.13	17.13	0.003	1.917E+05	5.283
C05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.12	17.09	0.024	1.937E+05	5.287
C06	Cy5	GAPDH	Unkn-3	8Hr	17.12	17.08	0.035	1.930E+05	5.285
D04	Cy5	GAPDH	Unkn-1	6Hr	17.14	17.13	0.003	1.908E+05	5.281
D05	Cy5	GAPDH	Unkn-2	7Hr	17.08	17.09	0.024	1.988E+05	5.298

**Uwaga:** Wszystkie obliczenia Std. Dev (Odchylenie standardowe) mają zastosowanie do grup replikacji przypisanych w studzienkach w oknie Plate Editor (Edytor płytki). Te obliczenia powodują uśrednienie wartości C<sub>q</sub> dla każdej studzienki w grupie replikacji.

Tabela 19 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Results (Wyniki).

**Tabela 19. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Results (Wyniki)**

<b>Informacja</b>	<b>Opis</b>
Well (Studzienka)	Pozycja studzienki w płytce.
Fluor (Fluorofor)	Wykryty fluorofor.
Targets (Sekwencje docelowe)	Nazwy sekwencji docelowych dla amplifikacji (genu).
Content (Zawartość)	Typ próbki i numer replikacji.
Sample (Próbka)	Opis próbki.
Biological Set Name (Nazwa zestawu biologicznego)	Nazwa zestawu biologicznego.
$C_q$	Cykl oznaczenia ilościowego.
$C_q$ Mean (Średnia z $C_q$ )	Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego dla grupy replikacji.
$C_q$ Std. Dev (Odchylenie standardowe $C_q$ )	Odchylenie standardowe z cyklu oznaczenia ilościowego dla grupy replikacji.
Starting Quantity (SQ) (Ilość początkowa)	Oszacowanie początkowej ilości sekwencji docelowej.
Log Starting Quantity (Rejestrowana ilość początkowa)	Rejestr ilości początkowej.
SQ Mean (Średnia z ilości początkowej)	Średnia z ilości początkowej.
SQ Std. Dev (Odchylenie standardowe ilości początkowej)	Odchylenie standardowe ilości początkowej z replikacji.

## Arkusz kalkulacyjny Standard Curve Results (Wyniki krzywej wzorcowej)

W arkuszu kalkulacyjnym Standard Curve Results (Wyniki krzywej wzorcowej) wyświetlane są obliczone parametry krzywej wzorcowej.

Fluor	Efficiency %	Slope	Y-Intercept	R <sup>2</sup>
Cy5	95.93	-3.423	35.216	1.000
FAM	91.97	-3.531	35.593	0.995
HEX	94.24	-3.468	36.863	0.998
Texas Red	96.86	-3.399	35.481	0.999

Tabela 20 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Standard Curve Results (Wyniki krzywej wzorcowej).

**Tabela 20. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Standard Curve Results (Wyniki krzywej wzorcowej)**

Informacja	Opis
Fluor (lub Target (Gen docelowy))	Wykryty fluorofor (lub gen docelowy).
Efficiency % (% wydajności)	Wydajność reakcji.
Slope (Nachylenie)	Nachylenie krzywej wzorcowej.
Y-intercept (Przecięcie z osią Y)	Punkt, w którym krzywa przecina oś Y.
R <sup>2</sup>	Współczynnik determinacji.

## Arkusz kalkulacyjny Plate (Płytki)

W arkuszu kalkulacyjnym Plate (Płytki) wyświetlana jest mapa płytek zawierająca dane dla jednego fluoroforu w danym momencie.

The screenshot shows a software window titled "Data Analysis - Gene Expression Multiplex - Time Course 3.pcrd". The interface includes a menu bar (File, View, Settings, Export, Tools), a toolbar with icons for Quantification, Quantification Data, Gene Expression, Custom Data View, QC, and Run Information. Below the toolbar, there are dropdown menus for "Plate" and "Step Number: 3". An "Output" section has checkboxes for Content, Sample, Cq, and Starting Quantity, all of which are checked. The main area is a grid representing a 96-well plate with columns numbered 1 to 9 and rows labeled A, B, and C. The data is organized as follows:

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
A	Content								
	Sample								
	Cq								
	copy number								
B	Content			Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3			
	Sample			6Hr	7Hr	8Hr			
	Cq			27.36	22.11	19.07			
	copy number			2.14e+02	6.60e+03	4.78e+04			
C	Content			Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3			
	Sample			6Hr	7Hr	8Hr			
	Cq			30.38	22.11	19.24			
	copy number			3.00e+01	6.58e+03	4.27e+04			

At the bottom of the window, there is a status bar showing "Completed", "Scan Mode: All Channels", and "Plate Type: BR White".

### Wyświetlenie danych dla konkretnego fluoroforu

- ▶ Kliknąć jego zakładkę na dole arkusza kalkulacyjnego.



## Arkusz kalkulacyjny RFU

W arkuszu kalkulacyjnym RFU wyświetlane są odczyty względnych jednostek fluorescencji (RFU) dla poszczególnych studzienek, zarejestrowane w cyklach analizy. Numer studzienki jest widoczny u góry każdej kolumny, a numer cyklu jest widoczny po lewej stronie każdego wiersza.

The screenshot shows a software window titled "Data Analysis - Gene Expression Multiplex - Time Course 3.pcrd". The interface includes a menu bar (File, View, Settings, Export, Tools), a toolbar with icons for Quantification, Quantification Data, Gene Expression, Custom Data View, QC, and Run Information. Below the toolbar, there are dropdown menus for "RFU" and "Step Number: 3". The main area contains a data table with the following structure:

Cycle	B4	B5	B6	C4	C5	C6	D4	D5	D6	F3	F4	F5
1	45.6	11.6	15.0	5.48	7.14	23.6	1.35	-17.5	192	39.9	30.6	35.5
2	29.9	5.01	5.65	0.0416	-0.989	12.4	-0.689	-17.2	157	39.4	20.4	15.2
3	15.0	0.773	6.65	-2.41	-0.154	9.63	-3.27	-6.84	133	44.9	13.8	8.62
4	6.29	3.24	5.62	-0.119	-1.37	7.70	2.58	-3.87	112	47.9	6.28	4.95
5	5.02	2.66	3.65	1.75	3.86	4.31	-3.29	0.0588	92.1	63.4	1.48	3.60
6	-2.71	2.83	0.862	3.84	3.17	7.76	2.50	8.79	65.9	84.3	-4.18	1.53
7	-9.01	-0.350	1.51	-0.970	4.06	3.31	-0.340	5.18	45.7	121	-8.35	-4.28

At the bottom of the window, there are navigation buttons for FAM, HEX, Texas Red, and Cy5, and status indicators for "Completed", "Scan Mode: All Channels", and "Plate Type: BR White".

## Zakładka Melt Curve (Krzywa topnienia)

W przypadku barwników wiążących się z DNA i nierozszczepialnych sond hybrydizacyjnych fluorescencja jest najjaśniejsza, gdy dwie nici DNA ulegają annealingowi. W związku z tym w miarę wzrostu temperatury w kierunku temperatury topnienia ( $T_m$ ) fluorescencja zmniejsza się w stałym tempie (przy stałym nachyleniu charakterystyki). W punkcie  $T_m$  następuje dramatyczne zmniejszenie fluorescencji przy zauważalnej zmianie nachylenia. Szybkość tej zmiany jest wyznaczana poprzez przedstawienie na wykresie ujemnej pierwszej regresji fluorescencji w funkcji temperatury ( $-d(RFU)/dT$ ). Największa szybkość zmiany fluorescencji powoduje widoczne piki i odpowiada wartości  $T_m$  kompleksów dwuniciowego DNA.

CFX Maestro Dx SE przedstawia na wykresie dane RFU zebrane podczas wykreślenia krzywej topnienia w funkcji temperatury. W celu analizowania danych o pikach topnienia oprogramowanie przypisuje każdemu pikowi temperaturę początku i końca, przesuując słupek progów. Podstawa obszaru pików jest wyznaczana przez pozycję słupka progów topnienia. Ważny pik musi mieć minimalną wysokość w odniesieniu do odległości między słupkiem progów a wysokością najwyższego pików.

W zakładce Melt Curve (Krzywa topnienia) wyświetlana jest wartość  $T_m$  (temperatura topnienia) amplifikowanych produktów PCR w czterech widokach:

- Melt Curve (Krzywa topnienia) — wyświetlanie danych w czasie rzeczywistym dla każdego fluoroforu jako wartości RFU w zależności od temperatury dla każdej studzienki.
- Melt Peak (Pik topnienia) — wyświetlanie ujemnej regresji danych RFU w zależności od temperatury dla każdej studzienki.
- Selektor studzienek — wyświetlanie studzienek w celu pokazywania lub ukrywania danych.
- Arkusz kalkulacyjny pików — wyświetlanie danych zebranych w wybranej studzience.

**Uwaga:** W tym arkuszu kalkulacyjnym wyświetlane są maksymalnie dwa piki dla każdej krzywej. Aby wyświetlić więcej pików, kliknąć zakładkę Melt Curve Data (Dane krzywej topnienia).

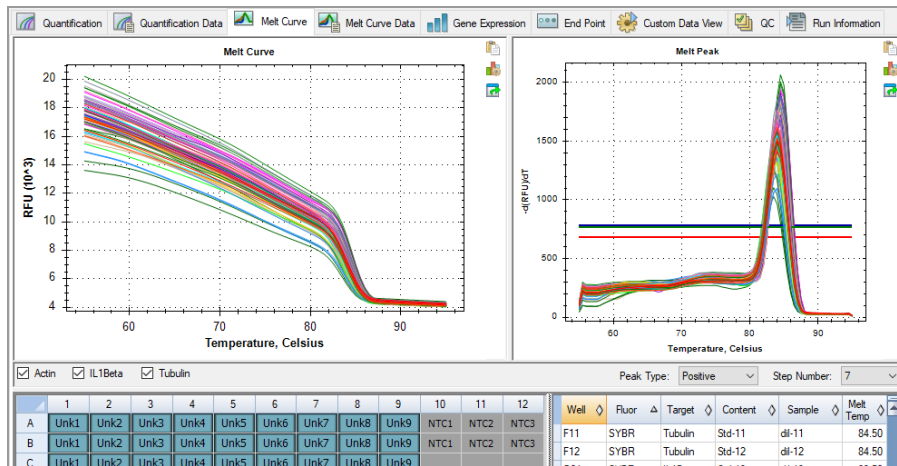


Tabela 21 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Melt Curve (Krzywa topnienia).

**Tabela 21. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Melt Curve (Krzywa topnienia)**

Informacja	Opis
Well (Studzienka)	Pozycja studzienki w płytce.
Fluor (Fluorofor)	Wykryty fluorofor.
Content (Zawartość)	Połączenie typu próbki i numeru replikatu.
Sample (Próbka)	Nazwa próbki załadowanej w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
Melt Temp (Temp. topnienia)	Temperatura piku topnienia dla każdej studzienki. <b>Uwaga:</b> W tym arkuszu kalkulacyjnym wyświetlane są tylko dwa najwyższe piki.

## Dostosowywanie danych krzywej topnienia

### Aby dostosować dane krzywej topnienia

- ▶ Wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Kliknąć i przeciągnąć paski wartości progowych na wykresie Melt Peak (Pik topnienia), aby uwzględnić piki w analizie danych lub wykluczyć je z analizy.
  - W menu rozwijanym Peaks (Piki) wybrać opcję Positive (Dodatnie), aby wyświetlić dane arkusza kalkulacyjnego dla pików powyżej linii Melt Threshold (Próg topnienia), albo wybrać opcję Negative (Ujemne), aby wyświetlić dane arkusza kalkulacyjnego dla pików poniżej linii Melt Threshold (Próg topnienia).
  - Otworzyć okno Trace Styles (Style krzywych), aby zmienić kolor krzywych na wykresach Melt Curve (Krzywa topnienia) i Melt Peak (Pik topnienia).
  - Aby wyświetlić dane krzywej topnienia w innym etapie protokołu, należy wybrać liczbę w selektorze Step Number (Numer etapu). Na liście widoczny jest więcej niż jeden etap, jeśli protokół zawiera odczyty płytek w więcej niż jednym etapie krzywej topnienia.
  - Aby skupić się na podzbiorach danych, należy wybrać studzienki w selektorze studzienek.
  - Wybrać grupę studzienek, aby wyświetlić i przeanalizować podzbiór studzienek z płytki. Poszczególne grupy studzienek można wybrać na podstawie nazw w menu rozwijanym Well Group (Grupa studzienek) na pasku narzędzi.

## Zakładka Melt Curve Data (Dane krzywej topnienia)

Zakładka Melt Curve Data (Dane krzywej topnienia) przedstawia dane z zakładki Melt Curve (Krzywa topnienia) na wielu arkuszach kalkulacyjnych, które zawierają wszystkie piki topnienia dla każdej krzywej. CFX Maestro Dx SE oferuje cztery opcje arkusza kalkulacyjnego, w których można przeglądać dane krzywej topnienia:

- Melt Peaks (Piki topnienia) — przedstawiają wszystkie dane, w tym wszystkie piki topnienia, dla każdej krzywej. Ten widok jest domyślny.
- Plate (Płytki) — przedstawia widok danych i zawartości poszczególnych studzienek płytki.
- RFU (Względne jednostki fluorescencji) — przedstawia wartości RFU dla każdej temperatury i każdej studzienki.
- $-d(\text{RFU})/dT$  — przedstawia ujemną szybkość zmiany RFU w miarę zmian temperatury (T). Jest to pierwszy wykres regresji dla każdej studzienki w płytce.

Każdy z arkuszy kalkulacyjnych można wybrać z listy rozwijanej wyświetlonej pod zakładką Melt Curve Data (Dane krzywej topnienia).

## Arkusz kalkulacyjny Melt Peaks (Piki topnienia)

Arkusz kalkulacyjny Melt Peaks (Piki topnienia) przedstawia wszystkie dane krzywych topnienia.

Well	Fluor	Target	Content	Sample	Melt Temperature	Peak Height	Begin Temperature	End Temperature
A01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1497.19	78.00	88.50
A02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1426.57	78.50	94.00
A03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1492.53	78.50	91.00
B01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1408.73	78.50	92.50
B02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1510.77	78.00	89.00
B03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1493.25	78.00	88.50
C01	SYBR	Actin	Unkn-1	0Hr	84.00	1521.98	78.50	91.50
C02	SYBR	Actin	Unkn-2	1Hr	84.00	1618.79	78.00	90.00
C03	SYBR	Actin	Unkn-3	2Hr	84.00	1581.56	78.00	89.00
D01	SYBR	Actin	Std-1	di-1	84.00	1100.08	79.00	94.00

Tabela 22 na stronie 253 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Melt Peaks (Piki topnienia).

**Tabela 22. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Melt Peaks (Piki topnienia)**

Informacja	Opis
Well (Studzienka)	Pozycja studzienki w płytce.
Fluor (Fluorofor)	Wykryty fluorofor.
Content (Zawartość)	Typ próbki widoczny w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
Targets (Sekwencje docelowe)	Sekwencja docelowa do amplifikacji (gen).
Sample (Próbka)	Nazwa próbki widoczna w oknie Plate Editor (Edytor płytki).
Melt Temperature (Temperatura topnienia)	Temperatura topnienia każdego produktu podana jako jeden pik (najwyższy) na wiersz w arkuszu kalkulacyjnym.
Peak Height (Wysokość piku)	Wysokość piku.
Begin Temperature (Temperatura początkowa)	Temperatura na początku piku.
End Temperature (Temperatura końcowa)	Temperatura na końcu piku.

## Arkusz kalkulacyjny Plate (Płytki)

Arkusz kalkulacyjny Plate (Płytki) wyświetla dane krzywej topnienia w formacie płytki.

The screenshot shows the 'Plate' tab in the software interface. The 'Output' section has checkboxes for 'Content', 'Sample', 'Peak 1', and 'Peak 2', all of which are checked. The data table below shows results for three samples (A, B, and C) across 11 wells. The 'Content' column lists 'Unkn-1', 'Unkn-2', and 'Unkn-3'. The 'Sample' column lists '0Hr', '1Hr', and '2Hr'. The 'Peak 1' and 'Peak 2' columns show values of '84.00' and 'None' respectively for each sample and well combination.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
A	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3							
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr							
	Peak 1	84.00	84.00	84.00							
	Peak 2	None	None	None							
B	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3							
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr							
	Peak 1	84.00	84.00	84.00							
	Peak 2	None	None	None							
C	Content	Unkn-1	Unkn-2	Unkn-3							
	Sample	0Hr	1Hr	2Hr							
	Peak 1	84.00	84.00	84.00							
	Peak 2	None	None	None							

**Uwaga:** W celu dostosowania piku wywołwanego przez oprogramowanie należy wyregulować linię progową na wykresie Melt Peak (Pik topnienia) na zakładce Melt Curve (Krzywa topnienia).

[Tabela 23 na stronie 254](#) zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Plate (Płytki).

**Tabela 23. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Plate (Płytki)**

Informacja	Opis
Content (Zawartość)	Połączenie typu próbki (wymagany) i numeru replikatu (opcjonalnie).
Sample (Próbka)	Opis próbki.
Peak 1 (Pik 1)	Pierwszy pik topnienia (najwyższy).
Peak 2 (Pik 2)	Druga wartość szczytowa topnienia (dolna).

## Arkusz kalkulacyjny RFU

W arkuszu kalkulacyjnym RFU wyświetlana jest fluorescencja dla każdej studzienki w każdym cyklu pozyskana w trakcie krzywej topnienia.

Temperature	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	D4	D5
55.00	17243	16043	16541	16440	17362	17038	17387	18303	17813	14914	16441	16356	17906	17758
55.50	17138	15948	16440	16340	17243	16923	17280	18178	17693	14836	16337	16252	17784	17644
56.00	17033	15853	16339	16241	17124	16808	17173	18053	17574	14758	16233	16149	17663	17530
56.50	16929	15758	16238	16141	17005	16693	17067	17928	17454	14681	16130	16046	17542	17417
57.00	16824	15663	16136	16042	16885	16579	16960	17802	17334	14603	16026	15942	17420	17303
57.50	16719	15568	16035	15942	16766	16464	16853	17677	17214	14525	15922	15839	17299	17189
58.00	16614	15473	15934	15843	16647	16349	16746	17552	17094	14447	15819	15736	17178	17075
58.50	16505	15375	15831	15740	16524	16232	16637	17423	16971	14360	15707	15628	17054	16958
59.00	16393	15273	15724	15634	16400	16112	16525	17292	16845	14264	15591	15517	16928	16839

Tabela 24 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym RFU.

**Tabela 24. Zawartość arkusza kalkulacyjnego RFU**

Informacja	Opis
Well number (A1, A2, A3, A4, A5) (Numer studzienki)	Pozycja studzienki w płytce dla załadowanych studzienek.
Temperature (Temperatura)	Temperatura topnienia amplifikowanego docelowego genu przedstawiona na wykresie w postaci jednej studzienki na rząd i wielu studzienek dla wielu produktów w tej samej studzienki.

## Arkusz kalkulacyjny -d(RFU)/dT

W arkuszu kalkulacyjnym -d(RFU)/dT wyświetlana jest ujemna szybkość zmiany RFU w miarę zmian temperatury (T).

Temperature	A1	A2	A3	B1	B2	B3	C1	C2	C3	D1	D2	D3	D4	D5
55.00	105	95.0	101	99.5	119	115	107	125	120	77.8	104	103	121	114
55.50	227	206	219	215	258	249	231	271	260	169	225	224	263	246
56.00	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
56.50	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
57.00	210	190	202	199	238	230	214	250	240	156	207	207	243	227
57.50	209	189	202	198	238	229	213	250	239	154	206	206	242	227
58.00	214	193	204	202	242	232	215	253	243	164	214	210	245	231
58.50	222	200	210	209	247	237	221	260	249	184	228	219	249	237

Tabela 25 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym -d(RFU)/dT.

**Tabela 25. Zawartość arkusza kalkulacyjnego -d(RFU)/dT**

Informacja	Opis
Well number (A1, A2, A3, A4, A5) (Numer studzienki)	Pozycja studzienki w płytce dla załadowanych studzienek.
Temperature -d(RFU)/dT (Temperatura)	Ujemna szybkość zmiany RFU w miarę zmian temperatury (T).



## Zakładka End Point (Punkt końcowy)

Otworzyć zakładkę End Point (Punkt końcowy) w celu przeanalizowania końcowych względnych jednostek fluorescencji (RFU) dla studzienek z próbkami. Oprogramowanie porównuje poziomy RFU dla studzienek z nieznanymi próbkami z poziomami RFU dla studzienek z ujemną kontrolą i przypisuje nieznaną próbce wskazanie dodatnie lub ujemne. Dodatkowo próbki mają wartość RFU większą niż średnia wartość RFU kontroli ujemnych plus wartość odcięcia.

Well	Fluor	Content	Sample	End RFU	Call
C03	HEX	Std-1		15271	(+) Positive
C04	HEX	Std-2		10788	(+) Positive
C05	HEX	Std-3		6245	(+) Positive
C06	HEX	Std-4		4035	(+) Positive
C07	HEX	Neg Ctrl		1887	
D03	HEX	Std-1		15193	(+) Positive
D04	HEX	Std-2		10781	(+) Positive
D05	HEX	Std-3		6294	(+) Positive
D06	HEX	Std-4		4013	(+) Positive
D07	HEX	Neg Ctrl		1882	
E03	HEX	Std-1		14530	(+) Positive
E04	HEX	Std-2		10240	(+) Positive
E05	HEX	Std-3		5838	(+) Positive
E06	HEX	Std-4		3896	(+) Positive
E07	HEX	Neg Ctrl		1882	
F03	HEX	Std-1		14055	(+) Positive
F04	HEX	Std-2		9932	(+) Positive
F05	HEX	Std-3		5826	(+) Positive
F06	HEX	Std-4		3964	(+) Positive
F07	HEX	Neg Ctrl		1883	

W celu analizowania danych o punkcie końcowym płytka musi zawierać kontrole ujemne; w przeciwnym razie oprogramowanie nie może przypisać wskazania.

- Run a Quantification protocol (Uruchom protokół oznaczenia ilościowego) — konfigurowanie protokołu standardowego. Po zakończeniu analizy próbek otworzyć okno Data Analysis (Analiza danych), dostosować ustawienia analizy danych w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) i kliknąć zakładkę End Point (Punkt końcowy), aby wybrać cykl punktu końcowego.
- Run an End Point Only protocol (Uruchom protokół wyłącznie punktu końcowego) — załadowanie protokołu End Point Only (Tylko punkt końcowy) w zakładce Plate (Płytką) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek); następnie należy wybrać lub utworzyć płytkę i rozpocząć analizę próbek.

W zakładce End Point (Punkt końcowy) wyświetlane są średnie wartości RFU w celu określenia, czy docelowy gen uległ amplifikacji wskutek ostatniego (końcowego) cyklu. Te dane pozwalają określić, czy konkretna docelowa sekwencja jest obecna (dodatnia) w próbce. Dodatkowo geny docelowe mają wyższe wartości RFU niż poziom odcięcia zdefiniowany przez użytkownika.

**Wskazówka:** Aby utworzyć protokół punktu końcowego, otworzyć zakładkę Protocol (Protokół) w oknie Run Setup (Konfiguracja analizy próbek) i wybrać Run (Analiza próbek) > End Point Only Run (Analiza wyłącznie punktu końcowego).

Gdy analiza próbek się zakończy, plik danych jest otwierany w zakładce End Point (Punkt końcowy), która zawiera następujące części:

- Settings (Ustawienia) — zmiana ustawień analizy danych.
- Results (Wyniki) — wyświetlanie wyników bezpośrednio po dostosowaniu ustawień.
- Well Selector (Selektor studzienek) — wybór studzienek z danymi dotyczącymi punktu końcowego, jakie mają być pokazane.
- RFU spreadsheet (Arkusze kalkulacyjny RFU) — wyświetlanie końcowych wartości RFU zebranych w wybranych studzienkach.

## Dane dotyczące wyników

Sekcja Results (Wyniki) przedstawia następujące dane:

- Lowest RFU value (Najniższa wartość RFU) — najniższa wartość we względnych jednostkach fluorescencji
- Highest RFU value (Najwyższa wartość RFU) — najwyższa wartość we względnych jednostkach fluorescencji
- Negative Control Average (Średnia z kontroli ujemnej) — średnie względne jednostki fluorescencji dla studzienek, które zawierają kontrole ujemne
- Cut Off Value (Wartość odcięcia) — obliczona poprzez dodanie tolerancji (wartość RFU (Względna jednostka fluorescencji) lub Percentage of Range (Procent zakresu) podana w obszarze Settings (Ustawienia)) oraz średnia z kontroli ujemnych. Próbkę z RFU, które są większe niż wartość odcięcia, będą nazywane „dodatnimi”. Aby dostosować wartość odcięcia, zmień RFU lub procent zakresu

Wartość Cut Off Value (Wartość odcięcia) jest obliczana za pomocą następującego wzoru:

$$\text{Cut Off Value (Wartość odcięcia)} = \text{Negative Control Average (Średnia z kontroli ujemnej)} + \text{Tolerance (Tolerancja)}$$

Tolerancję należy ustawić, korzystając z jednej z następujących metod:

- RFUs (Względne jednostki fluorescencji) (domyślnie) — tę metodę należy wybrać, aby używać dla tolerancji bezwzględnej wartości RFU. Minimalna wartość tolerancji RFU wynosi 2. Maksimum jest wartością bezwzględną najwyższej wartości RFU minus wartość bezwzględna najniższej wartości RFU. Domyślną wartością tolerancji RFU jest 10% łącznego zakresu RFU.
- Percent of Range (Procent zakresu) — tę metodę należy wybrać, aby w postaci tolerancji używać procentu zakresu RFU. Minimalny procent zakresu wynosi 1%. Maksymalny procent zakresu wynosi 99%. Domyślny procent zakresu wynosi 10%.

## Dostosowanie analizy danych punktu końcowego

### Aby dostosować analizę danych punktu końcowego

- ▶ Wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Z listy rozwijanej wybrać fluorofor.
  - Wybrać wartość End Cycle to Average (Cykl końcowy do uśrednienia), aby ustawić liczbę cykli, z której zostanie obliczona średnia wartość RFU dla punktu końcowego.
  - Wybrać opcję RFU (Względna jednostka fluorescencji), aby wyświetlić dane we względnych jednostkach fluorescencji.
  - Wybrać opcję Percentage of Range (Procent zakresu), aby wyświetlić dane jako procent zakresu RFU.
  - Aby skupić się na podzbiorach danych, należy wybrać studzienki w selektorze studzienek.
  - Wybrać grupę studzienek, aby wyświetlić i przeanalizować podzbiór studzienek z płytki. Poszczególne grupy studzienek można wybrać na podstawie nazw w menu rozwijanym Well Group (Grupa studzienek) na pasku narzędzi.

## Arkusz kalkulacyjny RFU na potrzeby analizy punktu końcowego

Tabela 26 zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym RFU na zakładce End Point (Punkt końcowy).

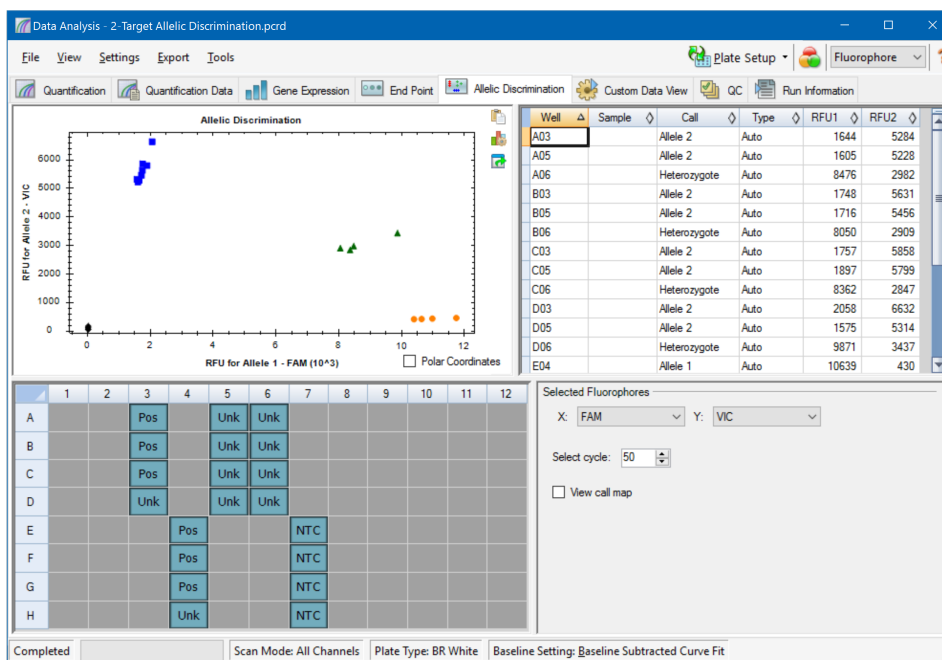
**Tabela 26. Zawartość arkusza kalkulacyjnego RFU End Point (Punkt końcowy RFU)**

Informacja	Opis
Well (Studzienka)	Pozycja studzienki w płytce.
Fluor (Fluorofor)	Wykryty fluorofor.
Content (Zawartość)	Połączenie typu próbki i numeru replikatu.
End RFU (RFU na koniec)	RFU w punkcie końcowym.
Call (Wskazanie)	Dodatnie lub ujemne, przy czym próbki dodatnie mają wartości RFU wyższe niż średnie RFU kontroli ujemnych plus wartość odcięcia.
Sample (Próbka)	Nazwa próbki załadowanej w oknie Plate Editor (Edytor płytki).

## Zakładka Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna)

Zakładka Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna) służy do przypisywania genotypów do studzienek zawierających nieznanne próbki. Dane dostępne w tej zakładce można wykorzystać w celu rozpoznawania próbek o różnych genotypach, takich jak Allele 1 (Allel 1), Allele 2 (Allel 2), Heterozygotę (Heterozygota), No Call (Brak wskazania) (brak amplifikacji) lub Undetermined (Nieokreślone).

**Uwaga:** Dane przeznaczone do dyskryminacji allelicznej muszą pochodzić z analiz multiplex z co najmniej dwoma fluoroforami. Każdy fluorofor identyfikuje jeden allel we wszystkich próbkach.



Analiza dyskryminacyjna alleli wymaga, aby studzienki zawierały co najmniej:

- Dwa fluorofory w każdej studzience
- Próbkę NTC (kontrola bez matrycy) dla zoptymalizowanej analizy danych

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE oferuje cztery opcje, które umożliwiają wyświetlanie danych dyskryminacji allelicznej:

- Wykres Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna) — dane są wyświetlane w postaci jednostek RFU dla allelu Allele 1 (Allel 1)/Allel 2 (Allel 2). Każdy punkt na wykresie reprezentuje dane z obu fluoroforów w jednej studzience. Możliwe jest przełączanie współrzędnych kartezjańskich i biegunowych — w tym celu należy zaznaczyć lub usunąć zaznaczenie pola wyboru Polar Coordinates (Współrzędne biegunowe). W przypadku współrzędnych biegunowych dane RFU dla

allelu 1 są przedstawiane na osi x, a dane RFU dla allelu 2 na osi y. W przypadku współrzędnych biegunowych kąt jest reprezentowany na osi x, a wartość RFU jest reprezentowana jako odległość pomiędzy początkiem układu współrzędnych do RFU na osi y (mediana wszystkich próbek NTC).

- Arkusz kalkulacyjny Well (Studzienka) — przedstawia dane dyskryminacji allelicznej zgromadzone z każdej studzienki płytki.
- Well Selector (Selektor studzienek) — umożliwia wybieranie studzienek z danymi allelicznymi, jakie mają być pokazane.
- Panel Selected Fluorophores (Wybrane fluorofory) — umożliwia zmianę etykiet x i y na wykresie Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna), zmianę cyklu przeznaczonego do analizy, a także określenie, czy wyświetlana będzie mapa wskazań.

## Dostosowywanie danych na potrzeby dyskryminacji allelicznej

Oprogramowanie automatycznie przypisuje genotyp do studzienek z nieznanymi próbkami na podstawie pozycji próbek NTC oraz kąta i odległości punktów danych nieznanymi od próbek NTC.

### Dostosowanie danych dotyczących dyskryminacji allelicznej

- ▶ Wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Aby wyświetlić współrzędne biegunowe, zaznaczyć pole wyboru na wykresie Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna).
  - Aby wyświetlić inny fluorofor, wybrać go z listy rozwijanej w panelu Selected Fluorophores (Wybrane fluorofory).
  - Aby zmienić wskazanie, przeciągnąć kursorem przez punkt (punkty) danych na wykresie Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna) i wybrać opcję z listy Selected Wells (Wybrane studzienki):
    - Allele 1 (Allel 1),
    - Allele 2 (Allel 2),
    - Heterozygota (Heterozygota),
    - Undetermined (Nieokreślone),
    - No Call (Brak wskazania),
    - Auto Call (Wskazanie automatyczne).

**Wskazówka:** Aby powrócić do wskazania domyślnego, wybrać opcję Auto Call (Wskazanie automatyczne).

## Opcje menu Chart (Wykres)

Obok opcji menu, które standardowo pojawiają się w menu dostępnych po kliknięciu prawym przyciskiem myszy (patrz [Wspólne pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresach na stronie 227](#)), istnieją również opcje menu dostępne tylko w przypadku wykresu Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna), które przedstawia [Tabela 27](#).

**Tabela 27. Opcje dostępne w menu pojawiającym się w po kliknięciu prawym i lewym przyciskiem myszy na wykresie Allelic Discrimination Chart (Wykres dyskryminacji allelicznej)**

Opcja menu	Funkcja
Zoom (Powiększenie)	Powoduje powiększenie wybranego obszaru na wykresie (poprzez kliknięcie i przeciągnięcie kursora na wykresie). <b>Wskazówka:</b> W celu przywrócenia poprzedniego powiększenia i wyświetlenia wszystkich punktów danych należy kliknąć prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Set Scale to Default (Ustaw skalę domyślną).
Well (Studzienka)	Dla wybranej studzienki dostępne są opcje, które umożliwiają: wyświetlenie tylko tej studzienki, usunięcie tej studzienki z widoku, ustawienie koloru dla tego krzywej albo wykluczenie tej studzienki z analizy.
Selected Wells (Wybrane studzienki)	Dla wybranych studzienek (wybranych poprzez kliknięcie i przeciągnięcie kursora na wykresie) dostępne są opcje, które umożliwiają: wyświetlenie tylko tych studzienek, usunięcie tych studzienek z widoku, ustawienie koloru dla tych krzywych albo wykluczenie tych studzienek z analizy.

## Arkusze kalkulacyjny Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna)

[Tabela 28](#) zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna).

**Tabela 28. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna)**

Informacja	Opis
Well (Studzienka)	Pozycja studzienki w płytce.
Sample (Próbka)	Opis nazwy próbki.

**Tabela 28. Zawartość arkusza kalkulacyjnego Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna), ciąg dalszy**

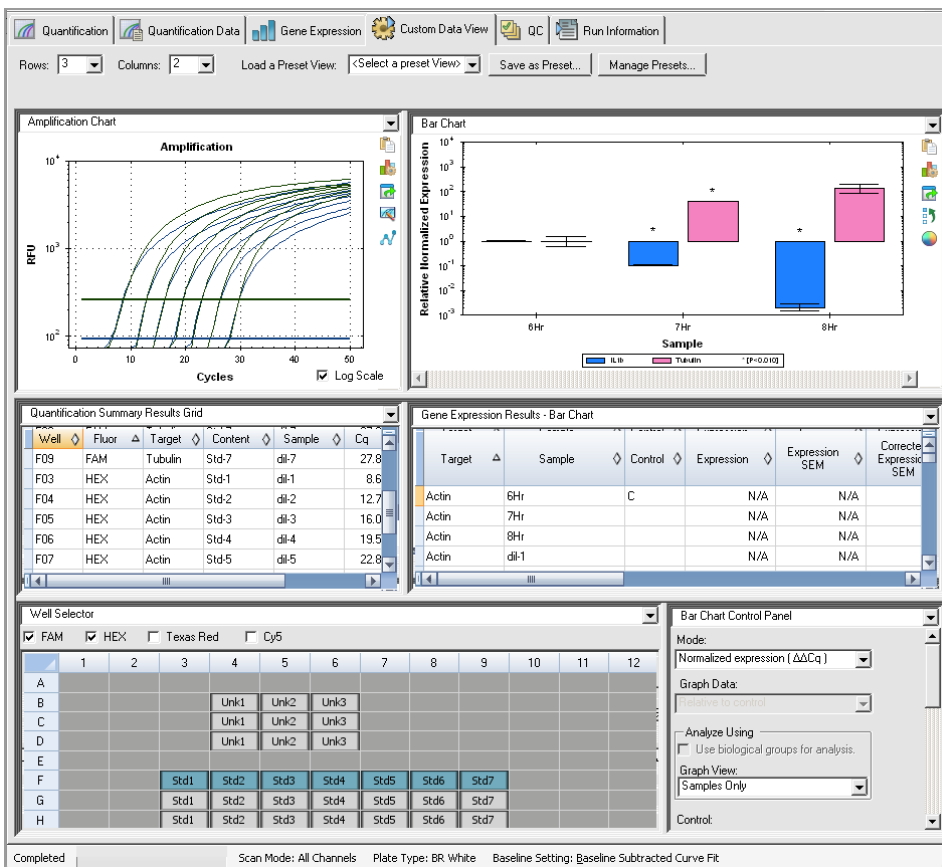
Informacja	Opis
Call (Wskazanie)	Identyfikacja allelu, która obejmuje następujące informacje: Allele 1 (Allel 1), Allele 2 (Allel 2), Heterozygotę (Heterozygota), No Call (Brak wskazania) lub Undetermined (Nieokreślone).
Type (Typ)	Auto (Automatyczny) lub Manual (Ręczny) — opisuje sposób wykonania wskazania. Automatyczny oznacza, że wskazanie zostało wybrane przez oprogramowanie. Ręczny oznacza, że wskazanie zostało wybrane przez użytkownika.
RFU1	Liczba jednostek RFU (względna jednostka fluorescencji) dla allelu Allele1.
RFU2	Liczba jednostek RFU (względna jednostka fluorescencji) dla allelu Allele2.



## Zakładka Custom Data View (Niestandardowy widok danych)

W zakładce Custom Data View (Niestandardowy widok danych) równocześnie wyświetlanych jest wiele paneli z możliwością modyfikowania ich układu.

Lista rozwijana Load a Preset View (Załaduj wstępnie ustawiony widok) zawiera wybór szablonów formatu wyświetlania. Domyślny wyświetlany widok zależy od analizowanego pliku. Na przykład gdy dostępne są dane Melt Curve (Krzywa topnienia), prezentowany jest domyślny widok Amp+Melt (Amplifikacja + topnienie).



## Tworzenie niestandardowego widoku danych

### Aby utworzyć niestandardowy widok danych

- ▶ Wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Z listy rozwijanej wybrać alternatywny widok wstępnie skonfigurowany.
  - Z listy rozwijanej, która znajduje się u góry każdego pojedynczego okienka, wybrać widok innego wykresu.
  - Zmienić liczbę wierszy i kolumn w zakładce.
  - Zmienić wymiary konkretnego okienka. Przeciągnąć paski znajdujące się na krawędziach poszczególnych okienek.

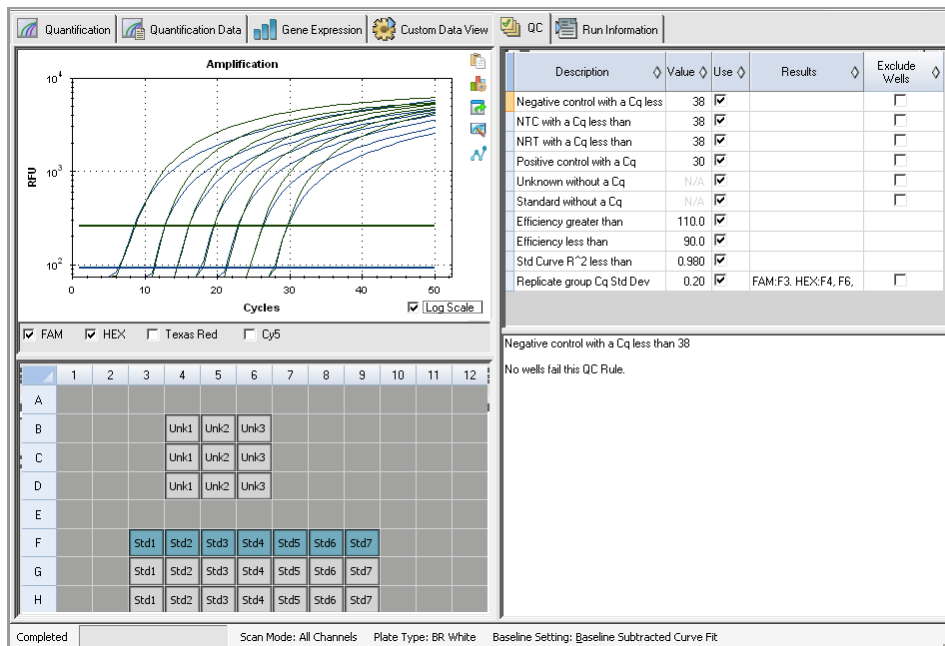
Następnie należy kliknąć opcję Save as Preset (Zapisz jako wstępnie skonfigurowany), co spowoduje zapisanie niestandardowych ustawień w postaci szablonu. W celu usunięcia wstępnie skonfigurowanego widoku, zmiany jego nazwy albo przywrócenia takiego widoku należy kliknąć opcję Manage Presets (Zarządzaj ustawieniami wstępnie skonfigurowanymi).

## Zakładka QC (Kontrola jakości)

Za pomocą zakładki QC (Kontrola jakości) można szybko ocenić jakość danych analizy na podstawie reguł zdefiniowanych na zakładce QC (Kontrola jakości) w oknie User Preferences (Preferencje użytkownika).

Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE oferuje cztery opcje, które umożliwiają wyświetlanie danych QC:

- **Amplification chart** (Wykres amplifikacji) — przedstawia wartość RFU dla każdej studzienki z każdego cyklu. Każda krzywa na wykresie reprezentuje dane z pojedynczego fluoroforu w jednej studzience.
- **QC rules table** (Tabela zasad QC) — wyświetla dostępne reguły QC oraz ustawienia, które definiują poszczególne reguły. Stosowane reguły QC są oznaczone znacznikiem wyboru.
- **Well selector** (Selektor studzienek) — umożliwia wybranie do wyświetlenia studzienek z danymi fluorescencji.
- **QC rule summary panel** (Panel podsumowania reguł QC) — wyświetla wybraną regułę QC oraz wyróżnia studzienki, które nie spełniają tej reguły.



## Zmiana kryteriów QC (kontroli jakości)

### Aby zmienić kryteria kontroli jakości

- ▶ Zaznaczyć lub usunąć zaznaczenie pola wyboru Use (Użyj) dla reguły, która ma zostać uwzględniona w kontroli jakości lub z niej wykluczona.

## Wykluczanie studzienek, które nie przeszły kontroli jakości

CFX Maestro Dx SE wyświetla studzienki, które nie spełniły kryteriów QC (Kontrola jakości), w kolumnie Results (Wyniki) w tabeli zasad QC oraz w panelu podsumowania.

### Wykluczenie studzienek, które nie spełniły kryteriów QC (Kontrola jakości)

- ▶ Zaznaczyć pole Exclude Wells (Wyklucz studzienki) dla każdej studzienki, która ma być wykluczona.

## Zakładka Run Information (Informacje o analizie próbek)

W zakładce Run Information (Informacje o analizie próbek) wyświetlany jest protokół i inne informacje o każdej analizie próbek. Za pomocą tej zakładki można wykonać następujące czynności:

- przejrzeć protokół;
- wpisać lub edytować uwagi o analizie próbek;
- wpisać lub edytować identyfikator lub kod kreskowy dla analizy próbek;
- przeglądać zdarzenia, które mogły wystąpić podczas analizy; te zdarzenia mogą pomóc w rozwiązaniu problemów z analizą próbek.

**Wskazówka:** Kliknąć prawym przyciskiem myszy opcję Protocol (Protokół), aby skopiować, wyeksportować lub wydrukować protokół. Kliknąć prawym przyciskiem myszy w panelach Notes (Uwagi), ID/Bar Code (Identyfikator / kod kreskowy) lub Other (Inne), aby cofnąć, wyciąć, skopiować, wkleić, usunąć lub wybrać tekst.

Protocol: CFX\_2stepAmp50.1 min.pcl

Step	Temperature (C)	Duration
1	95.0	3:00
2	95.0	0:10
3	55.0	1:00
4	GOTO 2	49 more times

Notes:  
Multiplex Gene Expression Example  
Artificial Time course in which  
Hex (Actin) is constant at ~ 1e5 cps/hxn  
Cy5 (Gapdh) is constant at ~ 1e5 cps/hxn  
Fam (Tubulin) increases 4 fold with time  
Texas Red (H1b) decreases 4 fold with time

ID/Bar Code:

Other:  
Run Started: 12/13/2007 12:31:47 PM  
User: admin  
Run Type: User-defined  
Plate File: Multi GE.pltd  
Sample Vol: 25  
Lid Temp: 105  
Optical Head Serial Number: CC001095  
Base Serial Number: CC001095  
CFX Manager Version: 1.0.956.1212

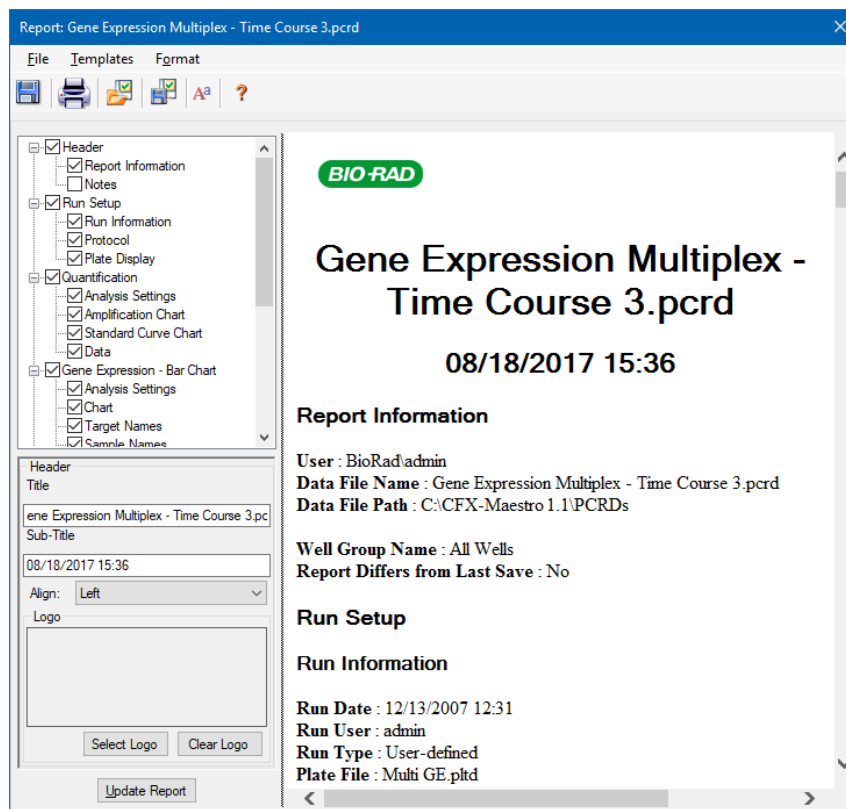
Completed | Scan Mode: All Channels | Plate Type: BR White | Baseline Setting: Baseline Subtracted Curve Fit

## Raporty z analizy danych

W oknie dialogowym Report (Raport) wyświetlane są informacje o bieżącym pliku danych w oknie Data Analysis (Analiza danych). Aby otworzyć raport, wybrać Tools (Narzędzia) > Reports (Raporty) lub kliknąć Reports (Raporty) na pasku narzędzi.

Okno dialogowe Report (Raport) zawiera następujące sekcje:

- Menu i pasek narzędzi — opcje pozwalające formatować, zapisywać i drukować raport lub szablon.
- Lista opcji (lewa górna część okna dialogowego) — opcje do wyświetlenia w raporcie.
- Panel opcji (dolna lewa część okna dialogowego) — pola tekstowe, w których można wpisywać informacje o wybranej opcji.
- Panel podglądu (prawa strona okna dialogowego) — podgląd bieżącego raportu.



## Kategorie raportu z analizy danych

Tabela 29 zawiera wszystkie opcje dostępne na potrzeby raportu z analizy danych w zależności od typu danych w oknie Data Analysis (Analiza danych).

**Tabela 29. Kategorie raportu z analizy danych na liście opcji**

Kategoria	Opcja	Opis
<b>Nagłówek</b>		
		Tytuł, podtytuł i logo dla raportu
	Report Information (Informacje o raporcie)	Data analizy próbek, nazwa użytkownika, nazwa pliku danych, ścieżka pliku danych i wybrana grupa studzienek
	Audit Information (Informacje o audycie)	Dodatkowe informacje wymagane do audytowania, w tym podpisy
	Notes (Uwagi)	Uwagi dotyczące raportu z danymi
<b>Run Setup (Konfiguracja analizy próbek)</b>		
	Run Information (Informacje o analizie próbek)	Data analizy próbek, nazwa użytkownika, nazwa pliku danych, ścieżka pliku danych i wybrana grupa studzienek
	Protocol (Protokół)	Tekstowa prezentacja etapów i opcji protokołu
	Plate Display (Wyświetlanie próbek)	Widok płytki z informacjami w każdej studziencie płytki
<b>Quantification (Oznaczenie ilościowe)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Liczba etapów zbierania danych, tryb analizy i sposób odejmowania wartości bazowej
	Amplification Chart (Wykres amplifikacji)	Wykres amplifikacji dla analiz próbek obejmujących dane o oznaczeniach ilościowych
	Wykres Standard Curve (Krzywa wzorcowa)	Wykres krzywej wzorcowej

Tabela 29. Kategorie raportu z analizy danych na liście opcji, ciąg dalszy

Kategoria	Opcja	Opis
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdej studzienki
<b>Gene Expression (Ekspresja genu) — Bar Chart (Wykres słupkowy)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Tryb analizy, dane wykresu, opcja skalowania i błąd wykresu
	Chart (Wykres)	Kopia wykresu słupkowego
	Target Names (Nazwy genów docelowych)	Tabela nazw genów docelowych
	Sample Names (Nazwy próbek)	Tabela nazw próbek
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdej studzienki
	Target Stability (Stabilność genu docelowego)	Tabela wartości stabilności genu docelowego
	Box-and-Whisker Chart (Wykres pudełkowy z wąsami)	Wykres pudełkowy z wąsami
	Dot Plot Chart (Wykres punktowy)	Wykres punktowy
<b>Gene Expression (Ekspresja genu) — Clustergram and Scatter Plot (Clustergram i wykres rozrzutu)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Ustawienia dla każdego typu wykresu
	Chart (Wykres)	Kopia wykresu
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdego genu docelowego
<b>Gene Expression (Ekspresja genu) — ANOVA Data (Dane ANOVA)</b>		
	ANOVA Settings (Ustawienia ANOVA)	Progowa wartość P stosowana w analizie



**Tabela 29. Kategorie raportu z analizy danych na liście opcji, ciąg dalszy**

<b>Kategoria</b>	<b>Opcja</b>	<b>Opis</b>
	ANOVA Results (Wyniki ANOVA)	Tabela wyników analizy ANOVA i analizy post-hoc HSD Tukey'a
<b>Melt Curve (Krzywa topnienia)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Liczba etapów topnienia i ustawienie słupka progów
	Wykres Melt Curve (Krzywa topnienia)	Wykres krzywej topnienia
	Melt Peak Chart (Wykres piku topnienia)	Wykres piku topnienia
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdej studzienki
<b>Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Fluorofory, cykl i mapa wskazań
	Allelic Discrimination Chart (Wykres dyskryminacji allelicznej)	Kopia wykresu dyskryminacji allelicznej
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdej studzienki
<b>End Point (Punkt końcowy)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Fluorofor, cykle końcowe do uśrednienia, tryb, najniższa wartość RFU, najwyższa wartość RFU i wartość odcięcia
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdej studzienki
<b>QC Parameters (Parametry kontroli jakości)</b>		

**Tabela 29. Kategorie raportu z analizy danych na liście opcji, ciąg dalszy**

<b>Kategoria</b>	<b>Opcja</b>	<b>Opis</b>
	Data (Dane)	Arkusze kalkulacyjne wyszczególniające parametry dla każdej zasady kontroli jakości

## Tworzenie raportu z analizy danych

Można zapisać układ raportu jako szablon, który może być ponownie użyty na potrzeby podobnych raportów.

### Aby utworzyć raport z analizy danych

1. Przed utworzeniem raportu ostatecznie dostosować zawartość studzienek, wybrane studzienki, wykresy i arkusze kalkulacyjne w oknie Data Analysis (Analiza danych).
2. Wybrać Tools (Narzędzia) > Reports (Raporty) na pasku menu Data Analysis (Analiza danych), aby otworzyć okno dialogowe Report (Raport).
3. Wybrać opcje, które mają zostać ujęte w raporcie. Raport zostanie otwarty z wybranymi opcjami domyślnymi. Zaznaczyć lub usunąć zaznaczenie pola wyboru, aby zmienić całe kategorie lub pojedyncze opcje w obrębie kategorii.

Dostępne opcje do wyświetlenia przedstawiono w sekcji [Tabela 29 na stronie 270](#).

**Uwaga:** Dane prezentowane w raporcie zależą od aktualnych wyborów w zakładkach w oknie Data Analysis (Analiza danych). Na przykład analiza próbek z oznaczeniem ilościowym może nie zawierać krzywej wzorcowej, przez co dane te nie pojawią się w oknie Data Analysis (Analiza danych) ani w raporcie z danymi.

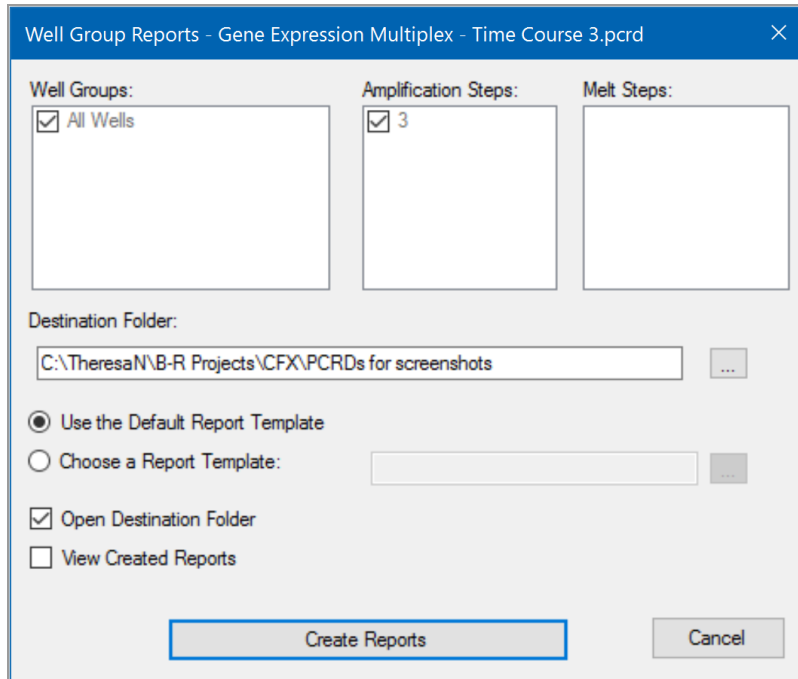
4. Zmienić kolejność kategorii i pozycji w raporcie. Opcje można przeciągać do pozycji względnych. Kolejność pozycji można zmieniać jedynie w obrębie kategorii, do których dane pozycje należą.
5. (Opcjonalnie) W panelu Report Options (Opcje raportu) wpisać informacje właściwe dla wybranej opcji:
  - Wybrać podzbiór informacji do wyświetlenia w raporcie.
  - Wybrać konkretne ustawienia dla wybranej opcji.
  - Zmienić tekst do wyświetlenia dla wybranej opcji.
6. Kliknąć opcję Update Report (Aktualizuj raport), aby zaktualizować Report Preview (Podgląd raportu) z uwzględnieniem jakichkolwiek zmian.
7. Wydrukować lub zapisać raport:
  - a. Aby wydrukować bieżący raport, kliknąć przycisk Print Report (Drukuj raport) na pasku narzędzi.
  - b. Wybrać opcje File (Plik) > Save (Zapisz), aby zapisać raport w formacie PDF (plik programu Adobe Acrobat Reader), MHT (dokument Microsoft) lub MHTML (dokument Microsoft).
  - c. Wybrać lokalizację, w której ma zostać zapisany plik.

- d. Wybrać opcje File (Plik) > Save As (Zapisz jako), aby zapisać raport z nową nazwą lub w nowym miejscu.
8. (Opcjonalnie) Utworzyć szablon raportu zawierający potrzebne informacje. Aby zapisać bieżące ustawienia raportu w szablonie, wybrać opcje Template (Szablon) > Save (Zapisz) lub Save As (Zapisz jako). Następnie wczytać szablon raportu należy wczytać następnym razem przed utworzeniem nowego raportu.

## Tworzenie raportów dotyczących grupy studzienek

### Utworzenie raportu dotyczącego grupy studzienek

1. Wybrać Tools (Narzędzia) > Well Group Reports (Raporty dotyczące grupy studzienek) w oknie Data Analysis (Analiza danych).



2. W oknie dialogowym Well Group Reports (Raporty dotyczące grupy studzienek) wybrać grupy studzienek, etapy amplifikacji i etapy topnienia do ujęcia w raporcie.
3. Wpisać ścieżkę lub przejść do folderu docelowego, w którym ma być zapisany raport.
4. (Opcjonalnie) Wybrać Choose a Report Template (Wybierz szablon raportu) i przejść do folderu z plikami szablonów.
5. (Opcjonalnie) Zaznaczyć Open Destination Folder (Otwórz folder docelowy), aby otworzyć folder i przeglądać raporty po ich wygenerowaniu.
6. Kliknąć Create Reports (Utwórz raporty).

## Rozdział 12 Analiza ekspresji genu

Dzięki zastosowaniu w reakcjach najbardziej rygorystycznych, kwalifikowanych próbek kontrolnych można wykorzystać Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security do przeprowadzania analizy ekspresji genu w celu normalizacji względnych różnic stężenia docelowego genu między próbkami. Zazwyczaj do normalizacji poziomów ekspresji genu będącego przedmiotem zainteresowania stosowane są poziomy ekspresji jednego lub większej liczby genów referencyjnych. Geny referencyjne uwzględniają różnice w ładowaniu próbek lub inną zmienność obecną w każdej próbce, a ich poziomy ekspresji nie powinny się zmieniać pod wpływem badanego układu biologicznego.

Wybrać zakładkę Gene Expression (Ekspresja genu) w oknie Data Analysis (Analiza danych), aby ocenić względne różnice między reakcjami PCR w dwóch lub większej liczbie studzienek. Na przykład można ocenić względne liczby genomów wirusowych lub względne liczby transfekowanych sekwencji w reakcji PCR. Najczęstszym zastosowaniem badania ekspresji genu jest porównanie stężenia cDNA w więcej niż jednej reakcji w celu oszacowania poziomów informacyjnego RNA w stanie stacjonarym.

Oprogramowanie oblicza względny poziom ekspresji docelowego genu w jednym z następujących scenariuszy:

- Względny poziom ekspresji docelowej sekwencji (gen docelowy 1) względem innego celu (gen docelowy 2), np. ilość jednego genu względem innego genu przy takim samym traktowaniu próbki.
- Względny poziom ekspresji jednej sekwencji docelowej w jednej próbce w porównaniu z tą samą sekwencją docelową przy różnej obróbce próbki; np. względna ilość jednego genu względem tego samego genu w innych warunkach czasowych, geograficznych lub rozwojowych.

## Konfiguracja płytki na potrzeby analizy ekspresji genu

Aby przeprowadzić analizę ekspresji genów, zawartość studzienki musi obejmować:

- Co najmniej dwie sekwencje docelowe — dwie sekwencje docelowe, które reprezentują różne geny lub sekwencje poddane amplifikacji w badanych próbkach.
- Co najmniej jedna referencyjna sekwencja docelowa — co najmniej jedna sekwencja docelowa musi być referencyjną sekwencją docelową dla ekspresji znormalizowanej. Wszystkie referencyjne sekwencje docelowe należy przypisać w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu), aby przeanalizować dane w trybie ekspresji znormalizowanej ( $\Delta\Delta C_q$ ). Dane z analiz próbek, które nie obejmują referencji, muszą być analizowane w trybie ekspresji względnej ( $\Delta C_q$ ).

- **Próbki wspólne** — reakcje muszą zawierać próbki wspólne (wymagane są co najmniej dwie), które pozwolą na wyświetlenie danych na zakładce Gene Expression (Ekspresja genu). Te próbki powinny reprezentować różne sposoby lub warunki obróbki dla poszczególnych sekwencji docelowych. Przypisać próbkę kontrolną (opcjonalnie) w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu). Jeśli nie wybrano żadnej kontroli, wówczas oprogramowanie używa najniższej  $C_q$  w postaci kontroli.

Wymagania konfiguracji obszaru Gene Expression (Ekspresja genu) w edytorze Plate Editor (Edytor płytki) są zależne od tego, czy zawartość reakcji jest przeznaczona do oznaczenia PCR singleplex, w którym w reakcjach stosowany jest jeden fluorofor, czy do oznaczenia PCR multiplex, w którym w reakcjach stosowany jest więcej niż jeden fluorofor.

## Konfigurowanie płytki według instrukcji

Jeśli konfiguracja płytki w pliku danych nie zawiera informacji wymaganych w analizie danych i wybrana zostanie zakładka Gene Expression (Ekspresja genu), miejsce, w którym typowo znajduje się wykres słupkowy, będzie zawierać instrukcję wprowadzenia tych informacji. W przypadku znormalizowanej ekspresji genu wykonać następujące czynności:

1. Zdefiniować nazwy genu docelowego i próbki za pomocą dowolnej z następujących funkcji:
  - **Plate Setup (Konfiguracja płytki)** — otwarcie okna Plate Editor (Edytor płytki).
  - **Replace Plate File (Zastąp plik płytki)** — otwarcie przeglądarki Select Plate (Wybierz płytkę), w której można przejść do wcześniej zapisanego pliku płytki, który ma zastąpić bieżący układ płytki.
  - **Replace PrimePCR File (Zastąp plik PrimePCR)** — otwarcie okna dialogowego Select PrimePCR file (Wybierz plik PrimePCR), w którym można przejść do pliku analizy PrimePCR i zastosować go do układu płytki.
2. Wybrać co najmniej jeden referencyjny gen docelowy oraz próbkę kontrolną za pomocą okna dialogowego Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).






Jeśli układ płytki zawiera już informacje o genie docelowym i próbce, wymagany jest tylko ten drugi krok podświetlony wtedy na pomarańczowo. Ten etap musi być ukończony przed przeprowadzeniem analizy znormalizowanej ekspresji genu.

**Uwaga:** Dane dotyczące wykresu rozrzutu i clustergramu są wyświetlane tylko wtedy, gdy spełnione są wszystkie wymagania dotyczące znormalizowanej ekspresji genu wymienione w rozdziale „Konfiguracja płytki na potrzeby analizy ekspresji genu”.

## Wykresy Gene Expression (Ekspresja genu)


CFX Maestro Dx SE wyświetla dane ekspresji genów w różnych widokach. [Tabela 30](#) zawiera opcje wykresów dostępne w oprogramowaniu.

**Tabela 30. Opcje wykresu Gene Expression (Ekspresja genu)**

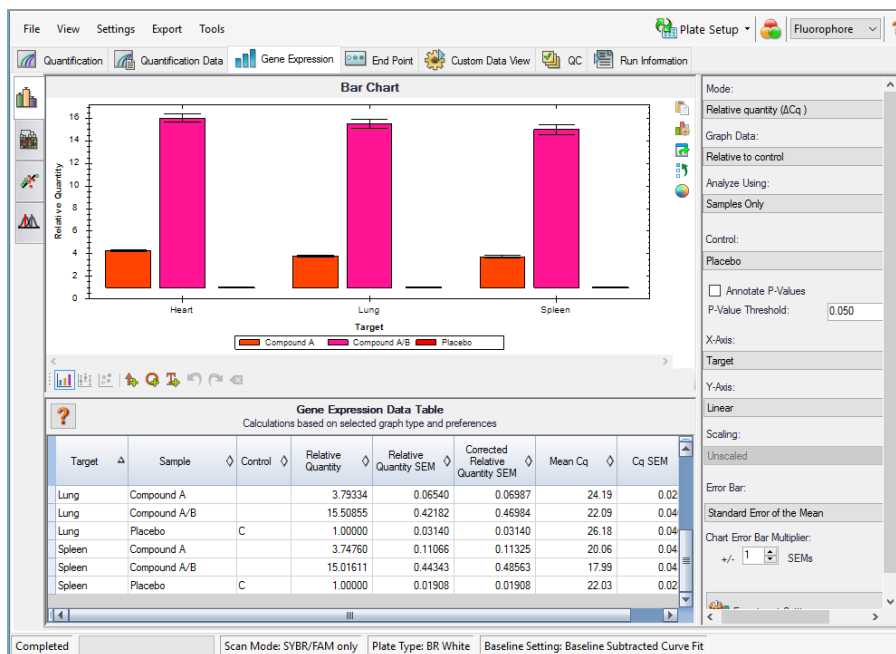
Przycisk	Nazwa	Funkcja
	Graphing (Wykresy)	<p>Umożliwia wyświetlenie danych znormalizowanej ekspresji genów w jednym z następujących widoków:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Wykres słupkowy (domyślnie)</li> <li>■ Wykres pudełkowy z wąsami</li> <li>■ Wykres punktowy</li> </ul>
	Clustergram	Wyświetla dane znormalizowanej ekspresji w hierarchii opartej na stopniu podobieństwa ekspresji różnych sekwencji docelowych i próbek.
	Scatter Plot (Wykres rozrzutu)	Wyświetla znormalizowaną wartość ekspresji sekwencji docelowych dla próbki kontrolnej w odniesieniu do próbki eksperymentalnej.
	ANOVA	<p>Wyświetla wyniki jednoczynnikowej analizy ANOVA względem danych ekspresji genu z użyciem następujących pakietów R w celu wykonania analizy ANOVA i ustalenia wyników dla testu Tukey'a:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>■ Companion to Applied Regression (car) (Wsparcie regresji stosowanej)</li> <li>■ Least-square means (lsmeans) (Metoda najmniejszych kwadratów)</li> </ul>
	Reference Gene Selection Tool (Narzędzie wyboru genu referencyjnego)	(Dostępne na zakładce Study Analysis (Analiza badania) w oknie Gene Study (Badanie genów)). Rozpoznaje testowane geny referencyjne i na podstawie stabilności genów przydziela je do kategorii Ideal (Idealne), Acceptable (Akceptowalne) lub Unstable (Niestabilne).



**Tabela 30. Opcje wykresu Gene Expression (Ekspresja genu), ciąg dalszy**

<b>Przycisk</b>	<b>Nazwa</b>	<b>Funkcja</b>
	PrimePCR Controls Analysis (Analiza kontroli PrimePCR)	(Dostępne na zakładce Study Analysis (Analiza badania) w oknie Gene Study (Badanie genów)). Wyświetla wyniki z przetestowanych próbek.

## Graphing (Wykresy)



Względna ekspresja genów docelowych jest prezentowana w następujących dwóch widokach:

- Wykres Gene Expression (Ekspresja genu) — przedstawia dane z analizy PCR w czasie rzeczywistym w postaci jednej z następujących wartości:
  - $\Delta\Delta C_q$  — względna znormalizowana wartość ekspresji obliczona z użyciem próbek kontrolnych i referencyjnych genów docelowych.
  - $\Delta C_q$  — względna ilość genu docelowego w próbce w odniesieniu do próbki kontrolnej.

Więcej informacji o wyświetlaniu danych przedstawiono w rozdziale [Wprowadzanie zmian do widoku wykresu i dodawanie adnotacji do tego widoku na stronie 283](#).

- Spreadsheet (Arkusze kalkulacyjny) — arkusz kalkulacyjny z danymi ekspresji genów.

**Wskazówka:** W celu wyświetlenia opcji należy kliknąć dowolny wykres lub arkusz kalkulacyjny prawym przyciskiem myszy. Aby otworzyć obszar Plate Editor (Edytor płytki) i zmienić zawartość płytki, należy wybrać opcję View/Edit Plate (Wyświetl/edytuj płytkę) z menu rozwijanego Plate Setup (Konfiguracja płytki).

**Wskazówka:** Aby zmienić kolejność nazw próbek i genów docelowych na wykresie, należy wybrać opcję Sort (Sortuj) z menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy.

## Znormalizowana ekspresja genu

W celu normalizacji danych zastosować zmierzony poziom ekspresji jednego lub większej liczby genów referencyjnych jako współczynnik normalizacji. Geny referencyjne są genami docelowymi, które nie podlegają regulacji stopnia ekspresji w badanym układzie biologicznym, takimi genami są na przykład *aktyna*, *GAPDH* czy *tubulina*.

### Konfigurowanie analizy znormalizowanej ekspresji genu ( $\Delta\Delta C_q$ )

1. Otworzyć plik danych (z rozszerzeniem .pcrd).
2. Przeglądać dane z zakładki Quantification (Oznaczenie ilościowe) w oknie Data Analysis (Analiza danych). Dostosować dane, np. zmieniając próg i tryb analizy.
3. Wybrać zakładkę Gene Expression (Ekspresja genu).
4. W zakładce Gene Expression (Ekspresja genu) kliknąć Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).
5. W oknie dialogowym Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) wykonać następujące czynności:
  - a. Otworzyć zakładkę Samples (Próbki) i wybrać kontrolę. Po przypisaniu kontroli CFX Maestro Dx SE normalizuje ilości względne dla wszystkich genów względem ilości kontrolnej, która jest ustawiona na wartość 1.
  - b. Otworzyć zakładkę Target (Gen docelowy) i wybrać geny referencyjne. Analiza ekspresji genu wymaga jednego genu referencyjnego spośród genów docelowych w próbkach.
6. Jeśli nie wybrano jeszcze opcji Normalized Expression ( $\Delta\Delta C_q$ ) (Znormalizowana wartość ekspresji), wybrać ją. Następnie przejrzeć poziomy ekspresji w zakładce Gene Expression (Ekspresja genu).

**Uwaga:** Można też uruchomić funkcję Setup Wizard (Kreator konfiguracji) w celu skonfigurowania układu płytki na potrzeby analizy znormalizowanej ekspresji genu.

## Relative Quantity (Ilość względna)

Z definicji dane dotyczące ilości względnej ( $\Delta C_q$ ) nie są znormalizowane. Ta metoda jest stosowana do ilościowego oznaczenia próbek, które nie zawierają żadnych genów referencyjnych (docelowych). Zazwyczaj badacze podczas konfigurowania analizy próbek są pewni co do jednej z następujących kwestii:

- Każda próbka zawiera taką samą ilość RNA lub cDNA w każdej studzience.
- Każda wariancja ilości załadowanej próbki biologicznej zostanie znormalizowana po analizie próbek z wykorzystaniem określonej metody analizy danych poza oprogramowaniem. Na przykład badacz może zdecydować się na podzielenie wartości ilości względnej przez współczynnik normalizacji,

możliwie masę kwasu nukleinowego załadowanego dla każdej próbki, lub liczbę komórek, z których wyizolowano kwas nukleinowy.

### Uruchomienie analizy Relative Quantity ( $\Delta C_q$ ) (Ilość względna)

- Wybrać opcję Relative Quantity ( $\Delta C_q$ ) (Ilość względna) z listy rozwijanej Mode (Tryb) na prawym panelu w zakładce Gene Expression (Ekspresja genu).

**Wskazówka:** W celu porównania wyników z danymi z innych analiz ekspresji genu otworzyć nowe badanie genów lub dodać plik danych do istniejącego badania genów.

## Wprowadzanie zmian do widoku wykresu i dodawanie adnotacji do tego widoku

Za pomocą poleceń menu z paska narzędzi wykresu oraz za pomocą narzędzi do analizy wykresów można zmieniać widok wykresu, dodawać adnotacje do wykresu, a także zmieniać sposób wyświetlania wykresu. Pasek narzędzi wykresu pojawia się między wykresem a arkuszem kalkulacyjnym analizy danych u dołu ekranu.

### Narzędzia na pasku narzędzi wykresu

**Wskazówka:** Informacje na temat narzędzi wykresu, które pojawiają się po prawej stronie wykresów analiz danych, zawiera rozdział [Wykresy na stronie 219](#).

Pasek narzędzi pod wykresami zapewnia szybki dostęp do narzędzi adnotacji.



Tabela 31 przedstawia funkcje przycisków, które znajdują się na pasku narzędzi wykresów.

Tabela 31. Pasek narzędzi wykresów










Przycisk	Nazwa	Funkcja
	Bar chart (Wykres słupkowy)	Przedstawia względną ekspresję sekwencji docelowych.
	Box and Whisker chart (Wykres pudełkowy z wąsami)	Przedstawia dane jako zakresy kwartyli (szczegółowe informacje na temat obliczeń zawiera rozdział <a href="#">Obliczenia dla wykresu pudełkowego z wąsami na stronie 325</a> ). <b>Uwaga:</b> Dostępny tylko wtedy, gdy dla opcji Analizie Using (Analizuj przy użyciu) ustawiona jest wartość Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne).

Tabela 31. Pasek narzędzi wykresów, ciąg dalszy

Przycisk	Nazwa	Funkcja
	Dot Plot chart (Wykres punktowy)	Przedstawia dane w postaci osobnych punktów danych z próbek dla każdej sekwencji docelowej. <b>Uwaga:</b> Dostępny tylko wtedy, gdy dla opcji Analizy Using (Analizuj przy użyciu) ustawiona jest wartość Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne).
	Add Arrow (Dodaj strzałkę)	Umożliwia narysowanie strzałki na aktywnym wykresie.
	Add Circle (Dodaj okrąg)	Umożliwia narysowanie okręgu na aktywnym wykresie.
	Add Text (Dodaj tekst)	Powoduje wstawienie pola tekstowego na aktywnym wykresie, do którego można dodać tekst, aby identyfikować interesujące elementy na wykresie.
	Undo (Cofnij)	Powoduje usunięcie lub cofnięcie ostatniej czynności wykonanej względem adnotacji na aktywnym wykresie.
	Redo (Ponów)	Powoduje cofnięcie ostatniej czynności Undo (Cofnij) wykonanej na aktywnym wykresie.
	Clear All (Wyczyść wszystko)	Umożliwia usunięcie wszystkich adnotacji z aktywnego wykresu.

## Sortowanie danych genów docelowych, próbek i grup biologicznych

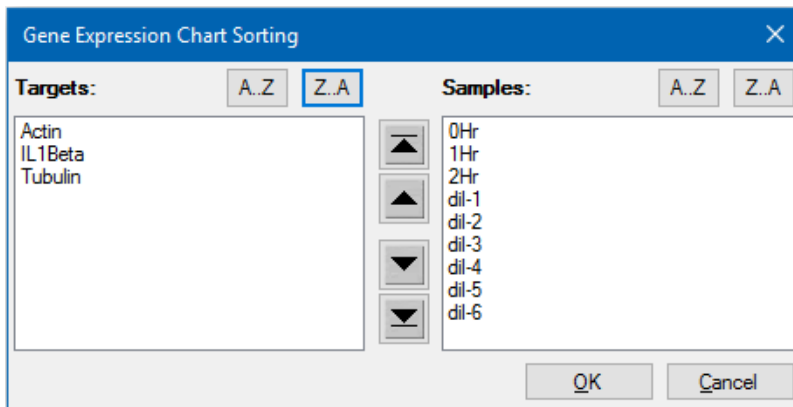
**Uwaga:** Ta opcja jest dostępna tylko na wykresach ekspresji genu.

Domyślnie listy Targets (Geny docelowe), Samples (Próbki) i Biological Groups (Grupy biologiczne) są wyświetlane w porządku alfabetycznym. W oknie dialogowym Sort (Sortuj) można posortować wyświetlane pozycje w porządku odwrotnym do alfabetycznego lub można ręcznie przesunąć daną pozycję w inne miejsce na liście.

### Aby sortować dane genów docelowych, próbek i grup biologicznych

1. Kliknąć Sort (Sortuj) w narzędziach wykresu.

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Gene Expression Chart Sorting (Sortowanie wykresu ekspresji genu).



2. W oknie dialogowym kliknąć Z-A, aby posortować listę w porządku odwrotnym do alfabetycznego.
3. Aby ręcznie przesunąć daną pozycję, wybrać ją i kliknąć odpowiedni przycisk między tablicami:
  - Kliknąć strzałkę w górę lub w dół, aby przesunąć wybraną pozycję o jedno miejsce.
  - Kliknąć strzałkę z kreską w górę lub w dół, aby przesunąć wybraną pozycję na górę lub na dół listy.
4. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i powrócić do zakładki Gene Expression (Ekspresja genu).

## Zmiana ustawień kolorów genów docelowych, próbki i grupy biologicznej

W oknie dialogowym Color Settings (Ustawienia kolorów) można zmienić kolor dla genów docelowych, próbki i grupy biologicznej, albo można usunąć wybrany element z wykresu.

### Aby zmienić ustawienia kolorów genów docelowych

1. W prawym okienku w oknie dialogowym Gene Expression (Ekspresja genu) sprawdzić, czy pozycja Sample (Próbka) jest widoczna na liście rozwijanej X-Axis (Oś X).
2. W obszarze Chart Tools (Narzędzia obsługi wykresu) wybrać opcję Color Settings (Ustawienia kolorów).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Color Settings (Ustawienia kolorów).

3. Aby zmienić kolor wyświetlania genu docelowego, należy kliknąć jego kolor w kolumnie Color (Kolor).
4. W wyświetlonym wtedy oknie dialogowym Color (Kolor) wybrać nowy kolor i kliknąć przycisk OK.
5. Aby usunąć gen docelowy z wykresu Gene Expression (Ekspresja genu), należy usunąć zaznaczenie pola wyboru tego genu w kolumnie Show Chart (Pokaż wykres).

**Wskazówka:** Aby usunąć wszystkie sekwencje docelowe, należy usunąć zaznaczenie pola Show Chart (Pokaż wykres) w nagłówku kolumny.

6. (Opcjonalnie) Domyślnie słupki są wyświetlane w kolorach pełnych. Aby wyświetlić słupki w kolorach gradientowych, należy usunąć zaznaczenie opcji Use Solid Colors (Użyj kolorów pełnych).
7. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i powrócić do zakładki Gene Expression (Ekspresja genu).

### Aby zmienić ustawienia kolorów próbki lub grupy biologicznej

1. W prawym okienku w oknie dialogowym Gene Expression (Ekspresja genu) sprawdzić, czy pozycja Targets (Geny docelowe) jest widoczna na liście rozwijanej X-Axis (Oś X).
2. Wykonać czynności z sekcji [Aby zmienić ustawienia kolorów genów docelowych na stronie 286](#).

## Zmiana widoku wykresu

### Aby zmienić bieżący widok wykresu:

- Z menu paska narzędzi wybrać polecenie docelowego widoku.

**Uwaga:** Zostanie otwarta zakładka Gene Expression (Ekspresja genu), na której dane będą widoczne w domyślnym widoku Bar Chart (Wykres słupkowy).

## Wykluczanie izolowanych punktów danych

Na wykresie punktowym można łatwo przeglądać wartości izolowane i wykluczyć je z analizy.

### Wykluczenie izolowanych punktów danych

- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem myszy docelową wartość izolowaną na wykresie punktowym i wybrać opcję Exclude Well from Analysis (Wyklucz studzienkę z analizy).

Punkt danych jest usuwany z wykresu punktowego, a studzienka zmienia kolor na szary w części Well Selector (Selektor studzienek) w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe).

### Włączanie wykluczonego izolowanego punktu danych

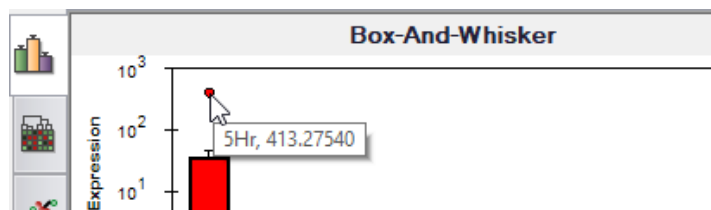
- ▶ Kliknąć prawym przyciskiem myszy studzienkę w części Well Selector (Selektor studzienek) w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe) i wybrać opcje Well (Studzienka) > Include in Analysis (Włącz do analizy).

## Przeglądanie szczegółów punktów danych

### Wyświetlenie szczegółów punktu danych

- ▶ Na wykresie pudełkowym z wąsami i wykresie punktowym wstrzymać kursor myszy na pojedynczym punkcie danych.

Zostanie wyświetlona etykieta narzędzia zawierająca nazwę próbki i jej ekspresję (w zależności od wybranego trybu jest to ilość względna lub znormalizowana wartość ekspresji).



## Dodawanie adnotacji na wykresach

Aby wyraźnie przekazywać dane, w każdym widoku wykresu słupkowego można dodawać strzałki, koła i tekst. Adnotacje są zapisywane wraz z wykresem słupkowym i są widoczne w eksportowanym i drukowanym pliku. Jednak adnotacje dodane do jednego widoku wykresu nie są dodawane do innych widoków.

### Narysowanie strzałki lub koła na wykresie

1. Na pasku narzędzi wykresu słupkowego kliknąć potrzebne narzędzie.
2. Kliknąć w obrębie wykresu słupkowego i przeciągnąć kursor przez wykres zgodnie z potrzebami.



### **Dodanie tekstu do wykresu**

1. Na pasku narzędzi wykresu słupkowego kliknąć Add Text (Dodaj tekst).
2. Kliknąć w obrębie wykresu słupkowego. W miejscu kliknięcia zostanie wyświetlone pole tekstowe.
3. Wpisać tekst w polu tekstowym.
4. Kliknąć w dowolnym miejscu wykresu, aby wyjść z pola tekstowego.

**Wskazówka:** Nacisnąć Enter, aby dodać kolejne wiersze w polu tekstowym.

### **Przeniesienie adnotacji**

1. Najechać kursorem na adnotację. Ikona zmieni się w palec, a obrzeże adnotacji zostanie podświetlone.
2. Kliknąć adnotację i przeciągnąć ją w inną pozycję.
3. Zwolnić adnotację, aby przytwierdzić ją w danym miejscu.

### **Cofnięcie adnotacji**

- ▶ Kliknąć Undo (Cofnij).

Usuwana jest ostatnio dodana adnotacja.

**Wskazówka:** Można cofnąć dziesięć ostatnich adnotacji, jedną po drugiej.

### **Ponowne dodanie adnotacji**

- ▶ Kliknąć Redo (Ponów).

Zostanie przywrócona ostatnio usunięta adnotacja.

**Wskazówka:** Można przywrócić dziesięć ostatnich adnotacji, jedną po drugiej.

### **Usunięcie adnotacji**

- ▶ Kliknąć adnotację prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Delete (Usuń).

## Dostosowywanie danych dotyczących ekspresji genu

Po wybraniu trybu analizy, znormalizowanej wartości ekspresji ( $\Delta\Delta Cq$ ) lub ilości względnej ( $\Delta Cq$ ), można dostosować dane wyświetlane w zakładce Gene Expression (Ekspresja genu), zmieniając opcje ustawień na prawo od wykresu.

**Wskazówka:** Domyślne opcje danych dotyczących ekspresji genu są ustawiane w oknie dialogowym User Preferences (Preferencje użytkownika) — dalsze informacje na ten temat przedstawiono w rozdziale [Ustawianie domyślnych parametrów pliku danych dotyczących ekspresji genu na stronie 99](#).

### Dane wykresu

Ustawić skalę liniową dla wartość osi y, aby włączyć opcje danych wykresu. Opcje danych wykresu umożliwiają przedstawianie danych na wykresie z wykorzystaniem jednej z następujących opcji:

- Relative to control (Względem kontroli) — przedstawianie na wykresie danych z osią skalowaną od 0 do 1. Jeśli w danej analizie próbek przypisano kontrolę, wybrać tę opcję w celu szybkiej wizualizacji zwiększenia i zmniejszenia stopnia ekspresji genu docelowego.
- Relative to zero (Względem zera) — przedstawianie na wykresie danych z początkiem w punkcie zero.

### Analyze Using (Analizuj przy użyciu)

Za pomocą rozwijanego menu wybrać sposób analizowania danych i ich przedstawiania na wykresie. Dostępne są następujące opcje:

- Samples Only (Tylko próbki) — dane są analizowane i przedstawiane na wykresach dla każdej z próbek z osobna.
- Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne) — dane są analizowane i przedstawiane na wykresach dla grup biologicznych. Wartość ekspresji wyświetlana dla grupy biologicznej stanowi średnią geometryczną dla próbek z tej grupy.
- Sample Biological Group (Próbka i grupa biologiczna) — dane są analizowane i przedstawiane na wykresach dla każdej z próbek z osobna z dołączeniem grupy biologicznej po nazwie próbki. Przedstawione wartości P są obliczane na podstawie grupy biologicznej.
- Biological Group Sample (Grupa biologiczna i próbka) — dane są analizowane i przedstawiane na wykresach dla każdej z próbek z osobna z dołączeniem grupy biologicznej przed nazwą próbki. Przedstawione wartości P są obliczane na podstawie grupy biologicznej.

Za pomocą menu rozwijanego (Próbka kontrolna) można wybrać próbkę, która zostanie użyta do normalizacji ilości względnej:

## Opcje Annotate P-Values (Oznacz wartości P) i P-Value Threshold (Progowa wartość P)

Po wybraniu opcji Annotate P-Values (Oznacz wartości P) program wyświetla gwiazdkę (\*) na wykresie słupkowym nad docelowym genem, jeśli jego wartość P jest niższa niż wybrany próg. Program automatycznie oblicza wartość P, porównując poziom ekspresji w próbce z poziomem ekspresji w wybranej próbce kontrolnej z zastosowaniem standardowego testu t. Zakres progowych wartości P to 0,000–1,000.

## Opcje osi X

Opcje dotyczące osi X pozwalają na wybranie danych wyświetlanych na osi X wykresu Gene Expression (Ekspresja genu):

- Target (Sekwencja docelowa) — umożliwia wyświetlanie nazw sekwencji docelowych na osi X.
- Sample (Próbka) — umożliwia wyświetlanie nazw próbek na osi X.

## Opcje osi Y

Opcje dotyczące osi Y pozwalają na wyświetlanie wykresu Gene Expression (Ekspresja genu) w jednej z trzech skal:

- Linear (Liniowa) — ta opcja umożliwia wyświetlanie skali liniowej.

**Wskazówka:** Ustawienie skali liniowej dla osi y powoduje włączenie listy rozwijanej Graph Data (Dane wykresu), z której można wybrać dane wykresu względem kontroli lub zera.

- Log 2 (Logarytm o podstawie 2) — ta opcja umożliwia ocenę próbek z dużego zakresu dynamicznego.
- Log 10 (Logarytm dziesiętny) — ta opcja umożliwia ocenę próbek z bardzo dużego zakresu dynamicznego.

## Opcje skalowania

Aby włączyć opcje skalowania na wykresie Gene Expression (Ekspresja genu), wybrać Normalized Gene Expression ( $\Delta\Delta C_q$ ) (Znormalizowana ekspresja genu) i ustawić wartość None (Brak) w opcji (Próbka kontrolna). Wybrać jedną z poniższych opcji skalowania, aby obliczać i prezentować dane w sposób najlepiej dopasowany do schematu konkretnej analizy próbek:

- Unscaled (Bez skalowania) — prezentacja nieprzeskalowanej, znormalizowanej ekspresji genu.
- Highest (Wartość najwyższa) — skalowanie znormalizowanej ekspresji genu dla każdego genu docelowego poprzez dzielenie poziomu ekspresji każdej próbki przez najwyższy poziom ekspresji spośród wszystkich próbek.

W tej opcji skalowania wykorzystywany jest wzór skalowania do wartości najwyższej.

- **Lowest (Wartość najniższa)** — skalowanie znormalizowanej ekspresji genu dla każdego genu docelowego poprzez dzielenie poziomu ekspresji każdej próbki przez najniższy poziom ekspresji spośród wszystkich próbek.

W tej opcji skalowania wykorzystywany jest wzór skalowania do wartości najniższej.

- **Average (Średnia)** — skalowanie znormalizowanej ekspresji genu dla każdego genu docelowego poprzez dzielenie poziomu ekspresji każdej próbki przez średnią geometryczną z poziomów ekspresji dla wszystkich próbek.

W tej opcji skalowania wykorzystywany jest wzór skalowania do średniej.

Należy wybrać opcję typu obliczeń błędów (pasków błędów) na wykresie Gene Expression (Ekspresja genu):

### Mnożnik słupka błędu na wykresie

Wybrać mnożnik dla słupków błędów na wykresie Gene Expression (Ekspresja genu). Wybrać jedną z następujących liczb całkowitych:

- +/- 1 (domyślnie)
- 2
- 3

Typ mnożnika ulega zmianie po wybraniu paska błędu:

- SEM — błąd standardowy średniej
- Std Dev — odchylenia standardowe

## Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu)

**Wskazówka:** To okno dialogowe jest też dostępne w oknie Plate Editor (Edytor płytki). Więcej informacji przedstawiono w rozdziale [Zmiana ustawień eksperymentu na stronie 163](#).

W oknie dialogowym Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) można przeglądać i zmieniać listę genów docelowych, próbek lub grup biologicznych, wybierać geny referencyjne, wybierać kontrole oraz ustawiać grupę Gene Expression Analysis (Analiza ekspresji genu) do analizowania, jeśli do studzienek dodano grupy biologiczne.

### Przejdź do okna dialogowego Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu)

- ▶ Kliknąć opcję Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) na dole prawego panelu w zakładce Graphing (Wykresy).

Zostanie wyświetlone okno dialogowe Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) z otwartą zakładką Targets (Geny docelowe).

### Zmiana ustawień Targets (Geny docelowe)

- ▶ W zakładce Targets wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Aby wybrać gen docelowy jako referencyjny na potrzeby analizy danych dotyczących ekspresji genu, wybrać jego nazwę w kolumnie Reference (Gen referencyjny).
  - Aby zmienić kolor genu docelowego, kliknąć jego komórkę w kolumnie Color (Kolor) i zmienić kolor w wyświetlonym wtedy oknie dialogowym Color.  
  
Zmiana koloru jest widoczna na wykresach Gene Expression (Ekspresja genu).
  - W celu użycia wcześniej określonej wartości wydajności, usunąć zaznaczenie pola wyboru dla genu docelowego w kolumnie Auto Efficiency (Automatyczna wydajność) i wpisać liczbę oznaczającą odsetek wydajności dla genu docelowego.  
  
Program oblicza względną wydajność dla genu docelowego z użyciem opcji Auto Efficiency (Automatyczna wydajność), jeśli dane dla genu docelowego zawierają krzywą wzorcową.

### Zmiana ustawień Sample (Próbka)

- ▶ W zakładce Samples (Próbki) wykonać dowolne z następujących czynności:
  - Aby wybrać próbkę jako kontrolę na potrzeby analizy danych dotyczących ekspresji genu, zaznaczyć nazwę tej próbki w kolumnie Control (Kontrola).
  - Aby zmienić kolor grupy próbek, kliknąć jej komórkę w kolumnie Color (Kolor) i zmienić kolor w wyświetlonym wtedy oknie dialogowym Color.  
  
Zmiana koloru jest widoczna na wykresach Gene Expression (Ekspresja genu).
  - Aby wyświetlać próbkę na wykresach Gene Expression (Ekspresja genu), wybrać ją w kolumnie Show Chart (Pokaż wykres).
  - Aby usunąć próbkę z wykresów Gene Expression (Ekspresja genu), odznaczyć jej wybór w kolumnie Show Chart (Pokaż wykres).

**Wskazówka:** Dane grupy próbek nadal są prezentowane w tabeli Results (Wyniki).

### Wykluczenie typu próbki z obliczeń analizy

- ▶ Zaznaczyć jego pole wyboru na dole okna dialogowego Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).

**Uwaga:** To wyklucza kontrole i/lub wzorce z analizy ekspresji genu.

## Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy

W celu wybrania pozycji przedstawionych w sekcji [Tabela 32](#) należy kliknąć prawym przyciskiem myszy na wykresie ekspresji genu.

**Tabela 32. Pozycje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na wykresie ekspresji genu**

Pozycja	Funkcja
Copy (Kopiuj)	Służy do kopiowania wykresu do schowka.
Save Image As (Zapisz obraz jako)	Zapisuje wykres w pliku obrazu. Należy ustawić rozdzielczość i wymiary obrazu, a następnie wybrać typ pliku (PNG, JPG, BMP).
Page Setup (Konfiguracja strony)	Umożliwia wybór ustawień strony do drukowania.
Print (Drukuj)	Służy do drukowania wykresu.
Set Scale to Default (Ustaw skalę domyślną)	Opcja Show All (Pokaż wszystkie) służy do pokazywania wszystkich danych na wykresie słupkowym. Jeśli ilość próbek jest zbyt duża i nie można wyświetlić wszystkich w ramce wykresu, wówczas wyświetlany jest pasek przewijania.
Chart Settings (Ustawienia wykresu)	Umożliwia otwarcie okna Chart Settings (Opcje wykresu), w którym można dostosować wykres.
Sort (Sortuj)	Sortuje kolejność próbek lub sekwencji docelowych, które pojawiają się na osi x wykresu.
Use Corrected Std Devs (Użyj skorygowanych odchyłeń standardowych)	Oblicza słupki błędów za pomocą formuły skorygowanych odchyłeń standardowych.
Use Solid Bar Colors (Używaj pełnych kolorów dla słupków)	Powoduje wyświetlanie pełnych słupków na wykresie.
X–Axis Labels (Etykiety osi X)	Umożliwia wyświetlanie etykiet osi X w poziomie lub pod kątem.

## Arkusze kalkulacyjny z danymi

Tabela 33 zawiera dane wyświetlane tabeli Gene Expression Data Table (Tabela danych dotyczących ekspresji genu).

**Uwaga:** Wartości w tabeli są obliczane na podstawie typu wykresu oraz preferencji wybranych w panelu po prawej stronie.

**Tabela 33. Opis informacji zawartych w arkuszu kalkulacyjnym na zakładce**

Informacja	Opis
Targets (Sekwencje docelowe)	Nazwa sekwencji docelowej (gen poddany amplifikacji) wybrana w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).
Biological Group (Grupa biologiczna) Sample Biological Group (Grupa biologiczna próbki) Biological Group Sample (Próbka z grupy biologicznej)	Nazwa próbki i/lub grupy biologicznej wybrana w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).
Control (Kontrola)	Nazwa kontroli wybranej w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu). Gdy dla opcji Analyze Using (Analizuj przy użyciu) wybrane jest ustawienie Samples Only (Tylko próbki), wówczas Control (Kontrola) jest próbka wybrana w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu). Gdy wybrana jest opcja Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne), Sample Biological Group (Grupa biologiczna próbki) lub Biological Group Sample (Próbka z grupy biologicznej), wówczas kontrola jest grupą biologiczną wybraną w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu).
Relative Quantity or Expression (Ilość względna lub ekspresja)	Ilość względna ( $\Delta C_q$ ) lub znormalizowana ekspresja genów ( $\Delta\Delta C_q$ ) w zależności od wybranego trybu.
Relative Quantity or Expression SEM (or SD) (Błąd standardowy średniej (lub odchylenie standardowe) ilości względnej lub ekspresji)	Błąd standardowy średniej (SEM) lub odchylenie standardowe (SD) ilości względnej lub ekspresji znormalizowanej — w zależności od wybranej opcji. Dostępne, gdy dla opcji Analyze Using (Analizuj przy użyciu) ustawiona jest wartość Samples Only (Tylko próbki), Sample Biological Group (Grupa biologiczna próbki) lub Biological Group Sample (Próbka z grupy biologicznej).

Informacja	Opis
Corrected Relative Quantity or Expression SEM (or SD) (Błąd standardowy średniej (lub odchylenie standardowe) skorygowanej ilości względnej lub ekspresji)	Obliczenie wartości skorygowanej dla SEM lub SD ilości względnej lub ekspresji znormalizowanej — w zależności od wybranej opcji. Dostępne, gdy dla opcji Analyze Using (Analizuj przy użyciu) ustawiona jest wartość Samples Only (Tylko próbki), Sample Biological Group (Grupa biologiczna próbki) lub Biological Group Sample (Próbka z grupy biologicznej).
Mean $C_q$ (Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego)	Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego (nie jest wyświetlana, gdy dla opcji Analyze Using (Analizuj przy użyciu) ustawiona jest wartość Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne).
$C_q$ SEM (lub SD) (Błąd standardowy średniej cyklu oznaczenia ilościowego (lub odchylenie standardowe))	SEM lub SD cyklu oznaczenia ilościowego — w zależności od wybranej opcji (nie jest wyświetlana, gdy dla opcji Analyze Using (Analizuj przy użyciu) ustawiona jest wartość Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne).



## Opcja Show Details (Pokaż szczegóły)

Tabela 34 zawiera dane wyświetlane po wybraniu opcji Show Details (Pokaż szczegóły) z menu dostępnego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy na arkuszu kalkulacyjnym wykresu słupkowego.

**Tabela 34. Informacje na arkuszu kalkulacyjnym wykresu słupkowego po wybraniu opcji Show Details (Pokaż szczegóły)**

Informacja	Opis
Data Set (Zestaw danych)	Dane fluorescencji z jednego fluoroforu w pliku danych.
Relative Quantity (Ilość względna)	Obliczona ilość względna próbek.
Relative Quantity SD (Odchylenie standardowe ilości względnej)	Odchylenie standardowe obliczenia ilości względnej.
Corrected Relative Quantity SD (Odchylenie standardowe skorygowanej ilości względnej)	Obliczone odchylenie standardowe skorygowanej ilości względnej.
Relative Quantity SEM (Błąd standardowy średniej ilości względnej)	Obliczony błąd standardowy średniej ilości względnej.
Corrected Relative Quantity SEM (Błąd standardowy średniej skorygowanej ilości względnej)	Obliczony błąd standardowy średniej skorygowanej ilości względnej.
Relative Quantity(lg) (Logarytm ilości względnej)	Log <sub>2</sub> ilości względnej, który jest używany na potrzeby analiz statystycznych.
SD RQ(lg)	Odchylenie standardowe ilości względnej (log <sub>2</sub> ).
SEM Expression(lg) (Logarytm błędu standardowego średniej ekspresji)	Błąd standardowy średniej ekspresji (log <sub>2</sub> )
Unscaled Expression (Ekspresja bez skalowania)	Obliczona ekspresja bez skalowania.
Unscaled Expression SD (Odchylenie standardowe ekspresji bez skalowania)	Obliczone odchylenie standardowe ekspresji bez skalowania.

**Tabela 34. Informacje na arkuszu kalkulacyjnym wykresu słupkowego po wybraniu opcji Show Details (Pokaż szczegóły), ciąg dalszy**

Informacja	Opis
Corrected Unscaled Expression SD (Odchylenie standardowe skorygowanej ekspresji bez skalowania)	Obliczone odchylenie standardowe skorygowanej ekspresji bez skalowania.
Unscaled Expression SEM (Błąd standardowy średniej ekspresji bez skalowania)	Obliczony błąd standardowy średniej ekspresji bez skalowania.
Corrected Unscaled Expression SEM (Błąd standardowy średniej skorygowanej ekspresji bez skalowania)	Obliczony błąd standardowy średniej skorygowanej ekspresji bez skalowania.
Unscaled Expression(lg) (Logarytm ekspresji bez skalowania)	Log <sub>2</sub> ekspresji bez skalowania.
SD Unscaled Expression(lg) (Logarytm błędu standardowego ekspresji bez skalowania)	Odchylenie standardowe ekspresji bez skalowania (log <sub>2</sub> ).
SEM Unscaled Expression(lg) (Logarytm błędu standardowego średniej ekspresji bez skalowania)	Błąd standardowy średniej ekspresji bez skalowania (log <sub>2</sub> ).
ekspresja	Znormalizowana ekspresja genu
Corrected Expression SD (Odchylenie standardowe ekspresji bez skalowania)	Obliczone odchylenie standardowe skorygowanej ekspresji.
Expression SEM (Błąd standardowy średniej ekspresji)	Błąd standardowy średniej ekspresji.
Corrected Expression SEM (Błąd standardowy średniej ekspresji skorygowanej)	Obliczony błąd standardowy średniej skorygowanej ekspresji.

**Tabela 34. Informacje na arkuszu kalkulacyjnym wykresu słupkowego po wybraniu opcji Show Details (Pokaż szczegóły), ciąg dalszy**

Informacja	Opis
Expression(Ig) (Logarytm ekspresji)	Log <sub>2</sub> ekspresji (znormalizowanej), który jest używany na potrzeby analiz statystycznych.
SD Expression(Ig) (Logarytm odchylenia standardowego ekspresji)	Odchylenie standardowe ekspresji (log <sub>2</sub> ).
SEM Expression(Ig) (Logarytm błędu standardowego średniej ekspresji)	Błąd standardowy średniej ekspresji (log <sub>2</sub> )
Mean C <sub>q</sub> (Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego)	Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego
C <sub>q</sub> SD (Odchylenie standardowe cyklu oznaczenia ilościowego)	Odchylenie standardowe cyklu oznaczenia ilościowego
C <sub>q</sub> SEM (Błąd standardowy średniej cyklu oznaczenia ilościowego)	Błąd standardowy średniej cyklu oznaczenia ilościowego

## Clustergram

Clustergram wyświetla dane w hierarchii opartej na stopniu podobieństwa ekspresji różnych genów docelowych i próbek.

**Uwaga:** W celu wyświetlenia jakiegokolwiek wykresu danych innego niż ekspresja względna na wykresie słupkowym należy wybrać referencyjny gen docelowy.

Clustergram przedstawia ekspresję względną próbki lub genu docelowego w następujący sposób:

- Upregulation (Zwiększenie stopnia ekspresji) (kolor czerwony) — wyższa ekspresja.
- Downregulation (Zmniejszenie stopnia ekspresji) (kolor zielony lub niebieski) — niższa ekspresja.
- No regulation (Brak zmiany stopnia ekspresji) (kolor czarny).
- No value calculated (Brak wartości obliczonej) (kolor czarny z białym znakiem X).

Im jaśniejszy jest odcień koloru, tym większa jest różnica ekspresji względnej. Jeśli nie można wyliczyć żadnej znormalizowanej wartości  $C_q$ , wówczas kwadrat będzie czarny z białym znakiem X.

Na zewnętrznych krawędziach wykresu danych znajduje się dendrogram, który wskazuje hierarchię klastrow. Geny docelowe i próbki, które mają podobne wzorce ekspresji, będą widoczne na sąsiadujących gałęziach, a takie, których wzorce są niepodobne, będą znajdowały się dalej od siebie.

### Settings (Ustawienia)

Można ustawić następujące opcje:

- Cluster By (Łączenie w klastry wg) — do wyboru następujące opcje: Targets (Sekwencje docelowe), Samples (Próbki), Both (Oba) lub None (Brak).
- Size (Rozmiar) — dostosowuje rozmiar obrazu i zmienia stopień powiększenia wykresu.
- Split Out Replicates (Rozdziel według replikacji) — powoduje wyświetlenie wartości dla poszczególnych replikacji.

**Wskazówka:** Można zmienić schemat kolorów z domyślnego czerwono-zielonego na czerwono-niebieski, wybierając tę opcję w menu wyświetlanym po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w z tych wykresów.

### Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy

Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w obszarze clustergramu są takie same jak dla wykresu słupkowego. Dostępne opcje przedstawiono w sekcji [Tabela 32 na stronie 293](#). Dodatkowo należy wybrać opcję Color Scheme (Schemat kolorów), aby zmienić na wykresie schemat

barwny zmniejszania stopnia ekspresji z domyślnego schematu czerwono-zielonego na czerwono-niebieski.

### **Arkusze kalkulacyjny z danymi**

W arkuszu kalkulacyjnym wyświetlane są wartości dla genu docelowego, próbki i znormalizowanej wartości ekspresji.

## Wykres rozrzutu

Na wykresie rozrzutu wyświetlana jest znormalizowana wartość ekspresji genów docelowych dla próbki kontrolnej w odniesieniu do próbki eksperymentalnej. Linie na wykresie wskazują próg krotności zmiany ekspresji. Punkty danych między liniami wskazują, że różnica ekspresji między próbkami dla danego docelowego genu jest pomijalna. Punkty danych poza liniami przekraczają próg krotności zmiany ekspresji i mogą być przedmiotem zainteresowania.

Obraz na wykresie przedstawia następujące zmiany ekspresji genu docelowego na podstawie progu krotności zmiany ekspresji:

- Upregulation (Zwiększenie stopnia ekspresji) (czerwone kółko) — względnie większa ekspresja.
- Downregulation (Zmniejszenie stopnia ekspresji) (zielone lub niebieskie kółko) — względnie mniejsza ekspresja.
- No change (Brak zmiany) (czarne kółko).

Kliknąć i przeciągnąć linię progów, aby dostosować wartość progów krotności zmiany ekspresji.

## Settings (Ustawienia)

Można ustawić następujące opcje:

- Control Sample (Próbka kontrolna)
- Experimental Sample (Próbka eksperymentalna).
- Fold Change Threshold (Próg krotności zmiany ekspresji). Przy zwiększaniu lub zmniejszaniu krotności zmiany ekspresji odpowiednio przesuwają się linie progowe na wykresie.

## Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy

Opcje menu wyświetlanego po kliknięciu prawym przyciskiem myszy w przypadku wykresu rozrzutu są takie same jak dla wykresu słupkowego. Dostępne opcje przedstawiono w sekcji [Tabela 32 na stronie 293](#). Dodatkowo można wybrać Symbol, aby zmienić symbol stosowany na wykresie z domyślnego kółka na jeden z następujących:

- trójkąt,
- krzyżyk,
- kwadrat,
- romb.

## Arkusz kalkulacyjny z danymi

W arkuszu kalkulacyjnym wyświetlane są wartości dla genu docelowego oraz znormalizowana wartość ekspresji dla próbek kontrolnych i eksperymentalnych. Wskazuje też, czy stopień ekspresji genów docelowych jest zwiększony czy zmniejszony w porównaniu do stopnia ekspresji genu docelowego.

## Arkusz kalkulacyjny Results (Wyniki)

Arkusz kalkulacyjny wyników zawiera podsumowanie danych ze wszystkich wykresów. [Tabela 35](#) zawiera dane wyświetlane w arkuszu kalkulacyjnym Results (Wyniki).

**Tabela 35. Informacje na zakładce Results (Wyniki)**

Informacja	Opis
Targets (Sekwencje docelowe)	Nazwa sekwencji docelowej (gen poddany amplifikacji)
Sample (Próbka)	Nazwa próbki
Mean C <sub>q</sub> (Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego)	Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego
Mean Efficiency Corrected C <sub>q</sub> (C <sub>q</sub> po korekcie uwzględniającej wydajność średnią)	Średnia z cyklu oznaczenia ilościowego po korekcie uwzględniającej wydajność reakcji
Normalized Expression (Znormalizowana wartość ekspresji)	Ekspresja sekwencji docelowej znormalizowana do referencyjnej sekwencji docelowej ( $\Delta\Delta C_q$ )
Relative Normalized Expression (Znormalizowana ekspresja względna)	Ekspresja względna znormalizowana do próbki kontrolnej; nazywana również krotnością zmiany
Regulation (Regulacja)	Zmiana ekspresji względem próbki kontrolnej
Compared to Regulation Threshold (Porównanie do progu regulacji)	Zwiększenie lub zmniejszenie stopnia ekspresji w próbce badanej w zależności od ustawienia progu

**Uwaga:** Dane dla replikatów znajdują się tylko w arkuszach kalkulacyjnych na zakładkach analiz danych, w których wybrana została opcja Split Out Replicates (Rozdziel według replikacji) (czyli Clustergram). W danych ekspresji w arkuszach kalkulacyjnych ekspresji genu może pojawić się rozbieżność, jeśli jako próbka kontrolna na wykresie słupkowym zostanie wybrana opcja „none” (Brak).



## Badanie genów

Badanie genów można utworzyć w celu porównania danych o ekspresji genu z jednego lub większej liczby eksperymentów PCR w czasie rzeczywistym z zastosowaniem kalibratora do kalibracji między analizami próbek w celu normalizacji między eksperymentami. Można utworzyć badanie genów, dodając do badania genów dane z co najmniej jednego pliku danych (z rozszerzeniem .pcrd). Oprogramowanie grupuje je w pojedynczy plik (z rozszerzeniem .mgxd).

**Uwaga:** Maksymalna liczba próbek, jakie można przeanalizować w badaniu genów, jest ograniczona przez wielkość pamięci RAM oraz pamięci wirtualnej komputera.

### Kalibracja między analizami próbek

Próba wykonania kalibracji między analizami próbek jest podejmowana w każdym nowym badaniu genów dla każdej sekwencji docelowej celem normalizacji zmienności między analizami, które mogą dotyczyć sekwencji docelowych testowanych w osobnych analizach PCR w czasie rzeczywistym (oznacza to, że z różnych płytek generowane są różne pliki .pcrd).

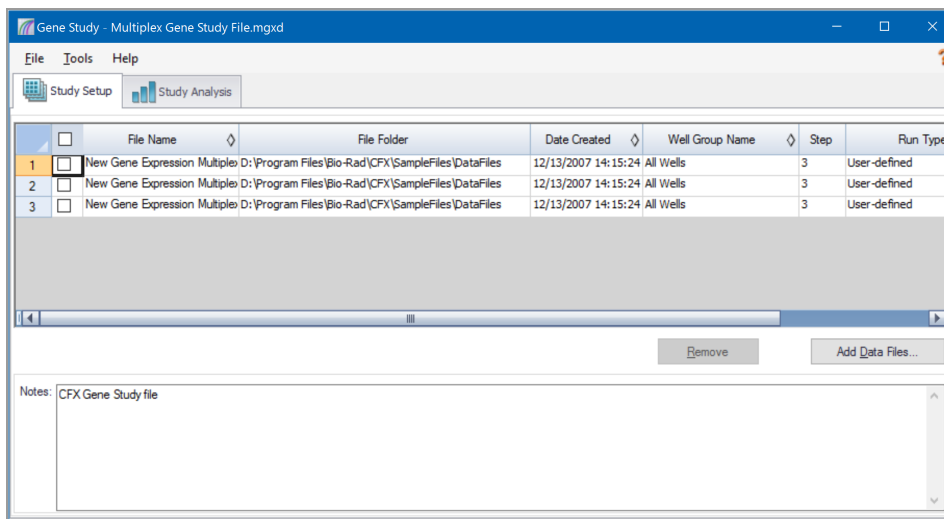
Aby oprogramowanie rozpoznało próbkę jako kalibrator między analizami próbek, taka próbka musi mieć taką samą nazwę sekwencji docelowej, nazwę próbki, a także — jeśli jest wykorzystywana — taką samą nazwę grupy biologicznej na każdej porównywanej płytce.

**Uwaga:** Jeśli w konkretnym badaniu genów wymagane jest wykonanie kalibracji między analizami próbek, wówczas badanie powinno obejmować co najmniej jeden kalibrator między analizami próbek. Sekwencje docelowe bez odpowiednich próbek będących kalibratorami między analizami próbek będą przetwarzane bez korekt w badaniu genów (nie jest to zalecane).

Kalibratory między analizami próbek mogą być stosowane na dwa sposoby:

- Osobno dla poszczególnych sekwencji docelowych — różne primery PCR mogą mieć różne wydajności. Domyślnie kalibrator między analizami próbek jest stosowany do wszystkich studzienek na jednej płytce, które mają tę samą nazwę sekwencji docelowej — na przykład  $C_q$  wygenerowane przy użyciu tego samego oznaczenia.
- Dla całego badania — jeden kalibrator między analizami próbek jest wybierany przez użytkownika i stosowany do całego badania genów.

## Okno dialogowe Gene Study (badanie genów)



Okno dialogowe Gene Study (badanie genów) zawiera dwie zakładki:

- Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania) — zarządzanie analizami próbek w badaniu genów.
  - Ważne:** Dodanie lub usunięcie plików danych w badaniu genów nie powoduje zmiany danych w oryginalnym pliku.
- Zakładka Study Analysis (Analiza badania) — wyświetlanie danych o ekspresji genu dla połączonych analiz próbek.

## Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania)

Tabela 36 zawiera dane wyświetlane w zakładce Study Setup (Konfiguracja badania).

**Tabela 36. Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania) w oknie dialogowym Gene Study (Badania genów).**

Tytuł kolumny	Opis
File Name (Nazwa pliku)	Nazwa pliku danych analizy (rozszerzenie .pcrd)
File Folder (Folder plików)	Katalog, w którym zapisany jest plik danych dla każdej analizy w badaniu genów
Date Created (Data utworzenia)	Data utworzenia danych analizy

**Tabela 36. Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania) w oknie dialogowym Gene Study (Badania genów)., ciąg dalszy**

Tytuł kolumny	Opis
Well Group Name (Nazwa grupy studzienek)	Nazwa grupy studzienek, która została wybrana, gdy plik został dodany do badania genów <b>Wskazówka:</b> Aby przeanalizować jedną grupę studzienek w badaniu genów, należy wybrać tę grupę w oknie Data Analysis (Analiza danych) przed zaimportowaniem pliku danych do badania genów.
Step (Etap)	Etap protokołu, który zawiera odczyt płytki w celu zgromadzenia danych PCR w czasie rzeczywistym
Run Type (Typ analizy)	Typ zdefiniowany przez użytkownika lub analiza PrimePCR
Protocol Edited (Protokół po edycji)	Zaznaczenie tej opcji oznacza, że protokół używany na potrzeby analizy PrimePCR został poddany edycji
View Plate (Wyświetl płytkę)	Umożliwia otwarcie mapy płytki z danymi z poszczególnych analiz uwzględnionych w obszarze Gene Study (Badania genów)

## Przygotowanie badania genów

### Aby przygotować badania genów

1. Przed zaimportowaniem danych do badania genów należy wykonać następujące czynności w oknie Data Analysis (Analiza danych):

- Należy upewnić się, że próbki o takiej samej zawartości mają taką samą nazwę. W badaniu genów oprogramowanie przyjmuje założenie, że studzienki o nazwach Target (Sekwencja docelowa) lub Sample (Próbka) zawierają te same próbki.
- W celu zoptymalizowania danych w każdej analizie należy dostosować wartość bazową i progową ( $C_q$ ) na zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe).
- Wybrać grupę studzienek, które mają zostać uwzględnione w badaniu genów.

W celu wyświetlenia danych z jednej grupy studzienek w badaniu genów tę grupę należy wybrać przed zaimportowaniem pliku danych.

Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania) przedstawia listę wszystkich analiz w ramach badania genów.

2. W oknie dialogowym Gene Study (Badania genów) wybrać zakładkę Study Setup (Konfiguracja badania).

3. Kliknąć opcję Add Data Files (Dodaj pliki danych), aby wybrać plik z okna przeglądarki.

**Wskazówka:** Aby szybko dodać analizy do badania genów, należy przeciągnąć pliki danych (rozszerzenie .pcrd) do okna dialogowego Study Setup (Konfiguracja badania).

4. Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE będzie automatycznie wykonywać analizę w ramach badania genów w miarę jak użytkownik będzie dodawał pliki danych. Aby wyświetlić wyniki, należy wybrać zakładkę Study Analysis (Analiza badania).

### Aby usunąć analizy z badania genów

- ▶ Wybrać co najmniej jeden plik na liście i kliknąć opcję Remove (Usuń).

### Aby dodać uwagi dotyczące badania genów

- ▶ Do pola tekstowego Notes (Uwagi) wprowadzić uwagi dotyczące plików i analizy.

## Zakładka Study Analysis (Analiza badania)

Na zakładce Study Analysis (Analiza badania) widoczne są dane z wszystkich analiz wykonanych w ramach badania genów. Opcje analizy ekspresji genu są takie same, jak te dla pojedynczego pliku danych, ale z następującymi wyjątkami:

- W przypadku wykresów słupkowych wartości kalibracji między analizami próbek pojawiają się (jeśli są obliczane) po kliknięciu opcji Inter-run Calibration (Kalibracja między analizami próbek).

**Uwaga:** Jako kalibrator między analizami próbek mogą być używane tylko następujące typy próbek:

- Unknown (Nieznana)
- Standard (Wzorzec)
- Positive Control (Kontrola dodatnia)

Próbki kontroli ujemnej, próbki NTC (kontrola bez matrycy) i NRT (kontrola bez materiału badanego przy odwrotnej transkrypcji) nie mogą być używane jako kalibrator między analizami próbek.

- Narzędzie Reference Gene Selection (Wybór genu referencyjnego) identyfikuje testowane geny referencyjne i na podstawie stabilności genów przydziela je do kategorii Ideal (Idealne), Acceptable (Akceptowalne) lub Unstable (Niestabilne).
  - Idealne geny referencyjne są stabilne i reprezentują minimalną zmienność w testowanych próbkach.
  - Akceptowalne geny referencyjne nie są idealnie stabilne i reprezentują umiarkowaną zmienność w testowanych próbkach. Z takich genów referencyjnych należy korzystać, jeśli nie są dostępne żadne idealne geny referencyjne.

- ❑ Niestabilne geny referencyjne charakteryzują się nadmierną zmiennością w testowanych próbkach. Zalecane jest wykluczenie takich genów z analiz.
- Narzędzie PrimePCR Analysis Controls (Kontrola Analizy PrimePCR) wyświetla wyniki testowanych próbek w tabeli:
  - ❑ Zakładka Summary (Podsumowanie) przedstawia podsumowanie wszystkich testowanych próbek. Próbki, które pomyślnie przeszły wszystkie oznaczenia kontrolne, są widoczne w kolorze zielonym. Próbki, w przypadku których co najmniej jedno oznaczenie kontrolne nie zostało zaliczone, mają kolor żółty.
  - ❑ Na zakładce PCR wyświetlane są wyniki dodatniego oznaczenia kontrolnego PCR. To oznaczenie wykrywa inhibicję i potencjalne problemy, które mogą wpływać na ekspresję genu.
  - ❑ Na zakładce RT wyświetlane są wyniki dodatniego oznaczenia kontrolnego z transkrypcją odwrotną. To oznaczenie ilościowo ocenia działania RT i identyfikuje próbki, w których działanie RT może zakłócić ekspresję genu.
  - ❑ Na zakładce gDNA wyświetlane są wyniki oznaczenia kontrolnego pod kątem zanieczyszczenia DNA. To oznaczenie sprawdza, czy genomowy DNA (gDNA) jest obecny w próbce w stężeniu, które może wpłynąć na wyniki qPCR.
  - ❑ Na zakładce RQ wyświetlane są wyniki analizy jakości RNA (RQ1 i RQ2). Te zakładki jakościowo oceniają, czy jakość RNA może niekorzystnie wpłynąć na ekspresję genu.

## Kategorie raportów Gene Study (Badanie genów)

W oknie dialogowym Gene Study Report (Raport z badania genów) można uporządkować dane badania genów, tworząc z nich raport. [Tabela 37](#) zawiera wszystkie opcje dostępne na potrzeby raportu z badania genów.

**Tabela 37. Kategorie dla raportu z badania genów**

Kategoria	Opcja	Opis
<b>Nagłówek</b>		
		Tytuł, podtytuł i logo dla raportu
	Report Information (Informacje o raporcie)	Data, nazwa użytkownika, nazwa pliku danych, ścieżka pliku danych i wybrana grupa studzenek
	Gene Study File List (Lista plików do badania genów)	Lista wszystkich plików danych w badaniu genów
	Notes (Uwagi)	Uwagi dotyczące raportu z danymi

Tabela 37. Kategorie dla raportu z badania genów, ciąg dalszy

Kategoria	Opcja	Opis
<b>Study Analysis (Analiza badania): Wykres słupkowy</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Lista wybranych parametrów analizy
	Chart (Wykres)	Wykres słupkowy Gene Expression (Ekspresja genu) przedstawiający dane
	Target Names (Nazwy genów docelowych)	Lista sekwencji docelowych w badaniu genów
	Sample Names (Nazwy próbek)	Lista próbek w badaniu genów
	Data (Dane)	Arkusz kalkulacyjny, który przedstawia dane
	Target Stability (Stabilność genu docelowego)	Dane dotyczące stabilności sekwencji docelowej
	Inter-run Calibration (Kalibracja między analizami próbek)	Dane kalibracji między analizami próbek
	Box-and-Whisker Chart (Wykres pudełkowy z wąsami)	Wykres pudełkowy z wąsami przedstawiający ekspresję genów
	Dot-Plot Chart (Pokaż punktowy)	Wykres punktowy przedstawiający ekspresję genów
<b>Study Analysis (Analiza badania): Clustergram i Scatter Plot (Wykres rozrzutu)</b>		
	Analysis Settings (Ustawienia analizy)	Ustawienia dla każdego typu wykresu
	Chart (Wykres)	Wykres Gene Expression (Ekspresja genu) przedstawiający dane
	Data (Dane)	Arkusz kalkulacyjny z wyszczególnionymi danymi dla każdego genu docelowego

**Tabela 37. Kategorie dla raportu z badania genów, ciąg dalszy**

Kategoria	Opcja	Opis
<b>Study Analysis (Analiza badania): ANOVA Data</b>		
	ANOVA Settings (Ustawienia ANOVA)	Progowa wartość P stosowana w analizie
	ANOVA Results (Wyniki ANOVA)	Tabela wyników analizy ANOVA i analizy post-hoc HSD Tukey'a
	Test normalności Shapiro-Wilka	Grupa biologiczna, liczba, wartość P i dowolne błędy występujące dla każdego genu docelowego w analizie
	ANOVA Errors (Błędy ANOVA)	Błędy rozpoznane podczas obliczeń ANOVA

## Tworzenie raportu z badania genów

### Aby utworzyć raport z badania genów

1. Przed utworzeniem raportu z badania genów należy odpowiednio dostosować dane i wykresy.
2. Wybrać opcje Tools (Narzędzia) > Reports (Raporty) w menu Gene Study (Badanie genów), aby otworzyć okno dialogowe Report (Raport).
3. Wybrać opcje, które mają zostać ujęte w raporcie. Raport zostanie otwarty z wybranymi opcjami domyślnymi. Zaznaczyć lub usunąć zaznaczenie pola wyboru, aby zmienić całe kategorie lub pojedyncze opcje w obrębie kategorii.  
  
Opcje dostępne do wyświetlenia przedstawia sekcja [Kategorie raportów Gene Study \(Badanie genów\) na stronie 308](#).
4. Zmienić kolejność kategorii i pozycji w raporcie. Opcje można przeciągać do pozycji wymaganych. Kolejność pozycji można zmieniać jedynie w obrębie kategorii, do których dane pozycje należą.
5. Kliknąć opcję Update Report (Aktualizuj raport), aby zaktualizować Report Preview (Podgląd raportu) z uwzględnieniem jakichkolwiek zmian.
6. Wydrukować lub zapisać raport. Aby wydrukować bieżący raport, kliknąć przycisk Print Report (Drukuj raport) na pasku narzędzi. Wybrać opcje File (Plik) > Save (Zapisz), aby zapisać raport w formacie PDF (plik programu Adobe Acrobat Reader), i wybrać miejsce zapisu pliku. Wybrać opcje File (Plik) > Save As (Zapisz jako), aby zapisać raport z nową nazwą lub w nowym miejscu.
7. (Opcjonalnie) Utworzyć szablon raportu zawierający potrzebne informacje. Aby zapisać bieżące ustawienia raportu w szablonie, wybrać opcje Template (Szablon) > Save (Zapisz) lub Save As (Zapisz jako). Następnie wczytać szablon raportu należy wczytać następnym razem przed utworzeniem nowego raportu.





## Załącznik A Obliczenia w analizie danych

Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security automatycznie oblicza wzory i wyświetla wyniki w zakładkach okna Data Analysis (Analiza danych). W tym załączniku szczegółowo objaśniono sposób obliczania wzorów przez CFX Maestro Dx SE.

### Wydajność reakcji

Jak sugerują dowody, stosowanie odpowiedniej miary wydajności dla każdego zestawu primerów i sondy zapewni dokładniejsze wyniki przy analizowaniu danych o ekspresji genu. Domyślna wartość wydajności stosowana w obliczeniach ekspresji genu to 100%. Aby ocenić wydajność reakcji, należy wygenerować krzywą wzorcową przy użyciu seryjnych rozcieńczeń reprezentatywnej próbki w całym odpowiednim zakresie dynamiki i zarejestrować wydajność dla późniejszej analizy ekspresji genu. Jeśli analiza próbek obejmuje krzywą wzorcową, oprogramowanie automatycznie wylicza wydajność i wyświetla ją w części Standard Curve (Krzywa wzorcowa) w zakładce Quantification (Oznaczenie ilościowe), jeśli w zakładce Targets (Geny docelowe) w oknie Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) jest zaznaczona opcja Auto Efficiency (Automatyczna wydajność).

Wydajność (E) we wzorach na wydajność odnosi się do „wydajności” opisanych przez Pfaffla (2001) oraz Vandesompelega i wsp. (2002). W tych publikacjach wydajność wynosząca 2 (idealne podwojenie przy każdym cyklu) odpowiada 100% wydajności w tym oprogramowaniu. Można przeliczyć obliczenia wydajności na obliczenia stosowane w oprogramowaniu, stosując następującą zależność matematyczną:

- $E = (\% \text{ wydajności} * 0,01) + 1$
- $\% \text{ wydajności} = (E - 1) * 100$

### Relative Quantity (Ilość względna)

Wzór na ilość względną ( $\Delta C_q$ ) dla dowolnej próbki (GOI):

$$\text{Względna ilość}_{\text{Próbka GOI}} = E_{\text{GOI}}^{(C_q^{(\text{min})} - C_q^{(\text{próbka})})}$$

**Uwaga:** Ten wzór jest stosowany do obliczania ilości względnej, gdy nie zdefiniowano żadnej kontrolnej próbki.

Gdzie:

- E = wydajność zestawu primera i sondy. Ta wydajność jest obliczana za pomocą wzoru (% wydajność \* 0,01) + 1, gdzie 100% wydajności = 2
- $C_{q(\min)}$  = średnia wartość  $C_q$  dla próbki o najniższej średniej wartości  $C_q$  dla GOI
- $C_{q(\text{sample})}$  = średnia wartość  $C_q$  dla próbki
- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (jedna sekwencja docelowa)

## Ilość względna przy wybranej kontroli

Gdy przypisana jest kontrolna próbka lub grupa biologiczna, to ilość względna (RQ) dla dowolnej próbki z genem będącym przedmiotem zainteresowania (GOI) jest obliczana ze wzoru:

$$\text{Względna Ilość}_{\text{Próbka GOI}} = E_{\text{GOI}} \left( C_{q(\text{kontrola})} - C_{q(\text{próbka})} \right)$$

Gdzie:

- E = wydajność zestawu primera i sondy. Ta wydajność jest obliczana za pomocą wzoru (% wydajność \* 0,01) + 1, gdzie 100% wydajności = 2
- $C_{q(\text{control})}$  = średnia wartość  $C_q$  dla próbki kontrolnej
- $C_{q(\text{sample})}$  = średnia wartość  $C_q$  dla wszelkich próbek z GOI
- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (jedna sekwencja docelowa)

## Odchylenie standardowe ilości względnej

**Ważne:** To obliczenie ma zastosowanie tylko wtedy, gdy dla opcji Analize Using (Analizuj przy użyciu) wybrano wartość Samples Only (Tylko próbki), Sample Biological Group (Grupa biologiczna próbki) lub Biological Group Sample (Próbka z grupy biologicznej).

Wzór na odchylenie standardowe obliczenia ilości względnej jest następujący:

$$\text{SD Względna Ilość} = \text{SD } C_{q \text{ GOI}} \times \text{Względna Ilość}_{\text{Próbka GOI}} \times \text{Ln } E_{\text{GOI}}$$

Gdzie:

- SD Relative Quantity = odchylenie standardowe ilości względnej
- $\text{SD } C_{q \text{ GOI sample}}$  = odchylenie standardowe  $C_q$  dla próbki (GOI)
- Relative Quantity = ilość względna próbki
- E = wydajność zestawu primera i sondy. Ta wydajność jest obliczana za pomocą wzoru (% wydajność \* 0,01) + 1, gdzie 100% wydajności = 2

- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (jedna sekwencja docelowa)

## Wartość $C_q$ skorygowana względem wydajności ( $C_{qE}$ )

Wzór na wartość  $C_q$  ( $C_{qE}$ ) skorygowaną względem wydajności:

$$C_{qE} = C_q \times (\log(E) / \log(2))$$

Gdzie:

- E = wydajność

## $C_q$ po korekcie uwzględniającej wydajność średnią ( $MC_{qE}$ )

Wzór na  $C_q$  po korekcie z uwzględnieniem wydajności średniej

$$MC_{qE} = \frac{C_{qE}(\text{Rep 1}) + C_{qE}(\text{Rep 2}) + \dots + C_{qE}(\text{Rep n})}{n}$$

Gdzie:

- $C_{qE}$  =  $C_q$  po korekcie uwzględniającej wydajność
- n = liczba replikacji

## Znormalizowana ekspresja

Znormalizowana wartość ekspresji ( $\Delta\Delta C_q$ ) to względna ilość docelowego genu znormalizowana względem ilości referencyjnych docelowych genów lub sekwencji w danym układzie biologicznym. Aby wybrać referencyjne docelowe geny lub sekwencje, otworzyć okno Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) i kliknąć kolumnę referencyjną dla każdego docelowego genu, który stanowi gen referencyjny.

Wzór na znormalizowaną wartość ekspresji wykorzystujący obliczoną ilość względną (RQ):

$$\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}} = \frac{RQ_{\text{Próbka GOI}}}{\left( RQ_{\text{Próbka (Odn 1)}} \times RQ_{\text{Próbka (Odn 2)}} \times \dots \times RQ_{\text{Próbka (Odn n)}} \right)^{\frac{1}{n}}}$$

Gdzie:

- RQ = ilość względna w próbce
- Ref = referencyjny gen docelowy w analizie próbek, która obejmuje co najmniej jeden referencyjny gen docelowy w każdej próbce
- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (jedna sekwencja docelowa)

O ile referencyjne geny docelowe nie zmieniają swojego poziomu ekspresji w danym układzie biologicznym, obliczenie znormalizowanej wartości ekspresji pozwoli poznać różnice w ładowaniu próbek lub zróżnicowanie liczby komórek, które są reprezentowane w każdej z próbek.

## Ekspresja i ilość względna na potrzeby grup biologicznych

Gdy w opcji Analize Using (Analizuj przy użyciu) wybrano pozycję Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne), oprogramowanie wyświetla średnią ekspresję (znormalizowaną wartość ekspresji lub ilość względną, w zależności od wybranego trybu) dla próbek w obrębie grupy biologicznej. Ponieważ ekspresja ma zazwyczaj rozkład logarytmiczno-normalny, ekspresja jest uśredniana za pomocą średniej geometrycznej:

$$\text{Expression biological group} = \sqrt[n]{\text{Exp}_1 \cdot \text{Exp}_2 \cdot \dots \cdot \text{Exp}_n}$$

Gdzie:

- $\text{Exp}_1, \text{Exp}_2, \text{Exp}_n$  = ilość względna lub znormalizowana wartość ekspresji dla próbek z grupy biologicznej
- $n$  = liczba próbek w grupie biologicznej

## Znormalizowana wartość ekspresji po wybraniu kontroli

Gdy w oknie Experiment Settings (Ustawienia ekspresji) zostanie wybrana próbka kontrolna, oprogramowanie ustawi poziom ekspresji próbki kontrolnej na 1. W tej sytuacji oprogramowanie znormalizuje ilości względne ekspresji wszystkich sekwencji docelowych (genów) do ilości kontroli (wartość 1). Znormalizowana ekspresja jest równoważna analizie znormalizowanej ekspresji bez skalowania po wybraniu kontroli.

**Uwaga:** Jest to również określane jako względna znormalizowana ekspresja (RNE) lub krotność zmiany.

## Odchylenie standardowe dla znormalizowanej wartości ekspresji

Znormalizowana wartość ekspresji jest przeskalowywana poprzez podzielenie odchylenia standardowego znormalizowanej wartości ekspresji przez znormalizowaną wartość ekspresji dla najwyższego lub najniższego poziomu ekspresji w zależności od wybranej opcji skalowania. Wzór na odchylenie standardowe (SD) współczynnika normalizacji:

$$SD\ NE_n = NE_n \times \sqrt{\left(\frac{SD\ RQ_{Próbka\ (Odn\ 1)}}{n \times RQ_{Próbka\ (Odn\ 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SD\ RQ_{Próbka\ (Odn\ 2)}}{n \times RQ_{Próbka\ (Odn\ 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SD\ RQ_{Próbka\ (Odn\ n)}}{n \times RQ_{Próbka\ (Odn\ n)}}\right)^2}$$

Gdzie:

- RQ = ilość względna w próbce
- SD = odchylenie standardowe
- NF = współczynnik normalizacji
- Ref = referencyjny gen docelowy
- n = liczba referencyjnych genów docelowych

Gdy przypisana jest próbka kontrolna, nie trzeba przeprowadzać tego przeskalowania dla odchylenia standardowego, jak przedstawia następujący wzór:

$$SD\ NE_{Próbka\ GOI} = NE_{Próbka\ GOI} \times \sqrt{\left(\frac{SD\ NF_{Próbka}}{NF_{Próbka}}\right)^2 + \left(\frac{SD\ RQ_{Próbka\ GOI}}{RQ_{Próbka\ GOI}}\right)^2}$$

Gdzie:

- NE = znormalizowana wartość ekspresji
- RQ = ilość względna w próbce
- SD = odchylenie standardowe
- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (jedna sekwencja docelowa)

## Znormalizowana wartość ekspresji przeskalowana do najwyższego poziomu ekspresji

Jeśli analiza próbek nie zawiera kontroli, należy przeskalować znormalizowaną wartość ekspresji (NE) dla każdego docelowego genu, dzieląc poziom ekspresji każdej próbki przez najwyższy poziom ekspresji spośród wszystkich próbek. Oprogramowanie ustawia wartość 1 dla najwyższego poziomu ekspresji i przeskalowuje wszystkie poziomy ekspresji próbek. Wzór na skalowanie według najwyższego poziomu:

$$\text{Przeskalowana znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}} = \frac{\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}}}{\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{Najwyższa Próbka GOI}}}$$

Gdzie:

- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (sekwencja docelowa)

## Znormalizowana wartość ekspresji przeskalowana do najniższego poziomu ekspresji

Jeśli analiza próbek nie zawiera kontroli, należy przeskalować znormalizowaną wartość ekspresji (NE) dla każdego docelowego genu, dzieląc poziom ekspresji każdej próbki przez najniższy poziom ekspresji spośród wszystkich próbek. Oprogramowanie ustawia wartość 1 dla najniższego poziomu ekspresji i przeskalowuje wszystkie poziomy ekspresji próbek. Wzór na skalowanie według najniższego poziomu:

$$\text{W skali znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}} = \frac{\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}}}{\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{Najniższa Próbka GOI}}}$$

Gdzie:

- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (sekwencja docelowa)

## Znormalizowana wartość ekspresji przeskalowana do średniego poziomu ekspresji

Jeśli analiza próbek nie zawiera kontroli, należy przeskalować znormalizowaną wartość ekspresji (NE) dla każdego docelowego genu, dzieląc poziom ekspresji każdej próbki przez średnią geometryczną z poziomów ekspresji dla wszystkich próbek. Oprogramowanie ustawia wartość 1 dla średniego poziomu ekspresji i przeskalowuje wszystkie poziomy ekspresji próbek. Wzór na skalowanie według średniej:

$$\text{Przeskalowana znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}} = \frac{\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{Próbka GOI}}}{\text{znormalizowana ekspresja}_{\text{GM GOI}}}$$

Gdzie:



## Załącznik A Obliczenia w analizie danych

- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (sekwencja docelowa)
- GM = średnia geometryczna znormalizowanej wartości ekspresji dla wszystkich próbek

## Odchylenie standardowe dla przeskalowanej znormalizowanej wartości ekspresji

Przeskalowanie znormalizowanej ekspresji (NE) odbywa się poprzez dzielenie odchylenia standardowego (SD) znormalizowanej wartości ekspresji przez znormalizowaną wartość ekspresji dla najwyższego (MAX) lub najniższego (MIN) poziomu ekspresji w zależności od wybranej opcji skalowania.

**Uwaga:** Gdy przypisana jest próbka kontrolna, nie trzeba przeprowadzać tego przeskalowania dla odchylenia standardowego.

Wzór dla tego obliczenia jest następujący:

$$SD \text{ W skali } NE_{\text{Próbka GOI}} = \frac{SD \ NE_{\text{Próbka GOI}}}{NE_{\text{MAX lub MIN GOI}}}$$

Gdzie:

- NE = znormalizowana wartość ekspresji
- SD = odchylenie standardowe
- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (sekwencja docelowa)
- MAX = najwyższy poziom ekspresji
- MIN = najniższy poziom ekspresji

## Słupki błędów dla odchylenia standardowego (lg) i błędu standardowego średniej (lg)

Poza stosowaniem przedziałów ufności dla grup biologicznych mogą być wyświetlane słupki błędów na podstawie odchylenia standardowego lub błędu standardowego średniej z  $\log_2$  ekspresji. Słupki błędów są obliczane w następujący sposób:

$$\text{Dolny słupek błędu RQ} = 2^{\text{RQ}(\text{lg}) - \text{SD RQ}(\text{lg})} \text{ lub } 2^{\text{RQ}(\text{lg}) - \text{SEM RQ}(\text{lg})}$$

$$\text{Górny słupek błędu RQ} = 2^{\text{RQ}(\text{lg}) + \text{SD RQ}(\text{lg})} \text{ lub } 2^{\text{RQ}(\text{lg}) + \text{SEM RQ}(\text{lg})}$$

Gdzie:

- $\text{RQ}(\text{lg}) = \log_2$  ilości względnej dla grupy biologicznej
- $\text{SD RQ}(\text{lg}) =$  odchylenie standardowe ilości względnej ( $\log_2$ )
- $\text{SEM RQ}(\text{lg}) =$  błąd standardowy średniej ilości względnej ( $\log_2$ )

$$\text{Dolny słupek błędu ekspresji} = 2^{\text{Eksp.}(\text{lg}) - \text{SD Eksp.}(\text{lg})} \text{ lub } 2^{\text{Eksp.}(\text{lg}) - \text{SEM Eksp.}(\text{lg})}$$

$$\text{Górny słupek błędu ekspresji} = 2^{\text{Eksp.}(\text{lg}) + \text{SD Eksp.}(\text{lg})} \text{ lub } 2^{\text{Eksp.}(\text{lg}) + \text{SEM Eksp.}(\text{lg})}$$

Gdzie:

- $\text{Eksp.}(\text{lg}) = \log_2$  ekspresji (znormalizowanej wartości ekspresji) dla grupy biologicznej
- $\text{SD RQ}(\text{lg}) =$  odchylenie standardowe ekspresji ( $\log_2$ )
- $\text{SEM RQ}(\text{lg}) =$  błąd standardowy średniej ekspresji ( $\log_2$ )

## Krotność zmiany ekspresji

Zmiana krotności ekspresji jest miarą zwiększenia lub zmniejszenia ekspresji genu docelowego dla eksperymentalnej próbki lub grupy biologicznej w porównaniu z kontrolą. Miarę tę wyznacza się w następujący sposób:

Jeśli ekspresja (eksperymentalna) > ekspresja (kontrolna):

$$\text{Krotność zmiany ekspresji} = \frac{\text{Ekspresja (eksperymentalna)}}{\text{Ekspresja (kontrola)}}$$

Jeśli ekspresja (eksperymentalna) < ekspresja (kontrolna):

$$\text{Krotność zmiany ekspresji} = -1 / \left( \frac{\text{Ekspresja (eksperymentalna)}}{\text{Ekspresja (kontrola)}} \right)$$

**Uwaga:** W przypadku zakładki Graphing (Wykresy), *Expression* (Ekspresja) bazuje na ilości względnej lub na znormalizowanej wartości ekspresji, w zależności od wybranego trybu (zob. [Graphing \(Wykresy\) na stronie 281](#)). Jednak w przypadku wykresu rozrzutu, i clustergramu, zmianę krotności ekspresji zawsze wylicza się ze znormalizowanej wartości ekspresji.

## Wzory na wartości skorygowane

**Ważne:** Te obliczenia mają zastosowanie tylko wtedy, gdy dla opcji Analize Using (Analizuj przy użyciu) wybrano wartość Samples Only (Tylko próbki), Sample Biological Group (Grupa biologiczna próbki) lub Biological Group Sample (Próbka z grupy biologicznej).

Różnica między wartościami skorygowanymi a nieskorygowanymi jest widoczna tylko wtedy, gdy krzywa wzorcowa została utworzona jako część analizy PCR w czasie rzeczywistym. W celu ustalenia propagacji błędu oprogramowanie korzysta z trzech równań:

- Błąd standardowy
- Błąd standardowy dla ekspresji znormalizowanej
- Błąd standardowy dla znormalizowanego genu będącego przedmiotem zainteresowania (sekwencji docelowej)

Wzór na błąd standardowy:

$$\text{Błąd standardowy} = \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Gdzie:

- n = liczba referencyjnych sekwencji docelowych (genów)
- SD = odchylenie standardowe

Wzór na błąd standardowy współczynnika normalizacji w ekspresji znormalizowanej:

$$SE\ NF_n = NF_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ RQ_{Pr: bka (Odn 1)}}{n \times SE\ RQ_{Pr: bka (Odn 1)}}\right)^2 + \left(\frac{SE\ RQ_{Pr: bka (Odn 2)}}{n \times SE\ RQ_{Pr: bka (Odn 2)}}\right)^2 + \dots + \left(\frac{SE\ RQ_{Pr: bka (Odn n)}}{n \times SE\ RQ_{Pr: bka (Odn n)}}\right)^2}$$

Gdzie:

- n = liczba referencyjnych genów docelowych
- SE = Błąd standardowy
- NF = współczynnik normalizacji
- RQ = Ilość względna

Wzór na błąd standardowy dla znormalizowanego genu będącego przedmiotem zainteresowania (GOI)

$$SE\ GOI_n = GOI_n \times \sqrt{\left(\frac{SE\ NF_n}{NF_n}\right)^2 + \left(\frac{SE\ GOI}{GOI}\right)^2}$$

Gdzie:

- SE = Błąd standardowy
- GOI = gen będący przedmiotem zainteresowania (jedna sekwencja docelowa)
- NF = współczynnik normalizacji
- n = liczba referencyjnych genów docelowych

## Obliczenia przedziału ufności na potrzeby analizy grup biologicznych

Podczas analizy grup biologicznych (gdy w opcji Analizie Using (Analizuj przy użyciu) wybrano pozycję Biological Groups Only (Tylko grupy biologiczne)) przedziały ufności są obliczane dla ilości względnej i względnej znormalizowanej wartości ekspresji.

Przedziały ufności są obliczane w skali logarytmicznej na podstawie rozkładu t z użyciem wzoru:

$$CI = \bar{X} \pm t \frac{SD}{\sqrt{n}}$$

Gdzie:

- $\bar{X}$  = średnia ekspresja z poziomów ekspresji próbek w grupie biologicznej wyrażonych w skali logarytmicznej
- $SD$  = odchylenie standardowe poziomów ekspresji próbek w grupie biologicznej wyrażonych w skali logarytmicznej
- $n$  = liczba próbek w grupie biologicznej
- $t$  = uzyskane z rozkładu t na podstawie stopni swobody i poziomu istotności alfa

**Uwaga:** Poziom istotności alfa można ustawić za pomocą pola progowej wartości P w zakładce Graphing (Wykresy).

Po obliczeniu przedziałów ufności są one przeliczane na skalę liniową i przedstawiane w tabeli Gene Expression Data Table (Tabela danych dotyczących ekspresji genu) i na wykresie słupkowym w zakładce Graphing (Wykresy).

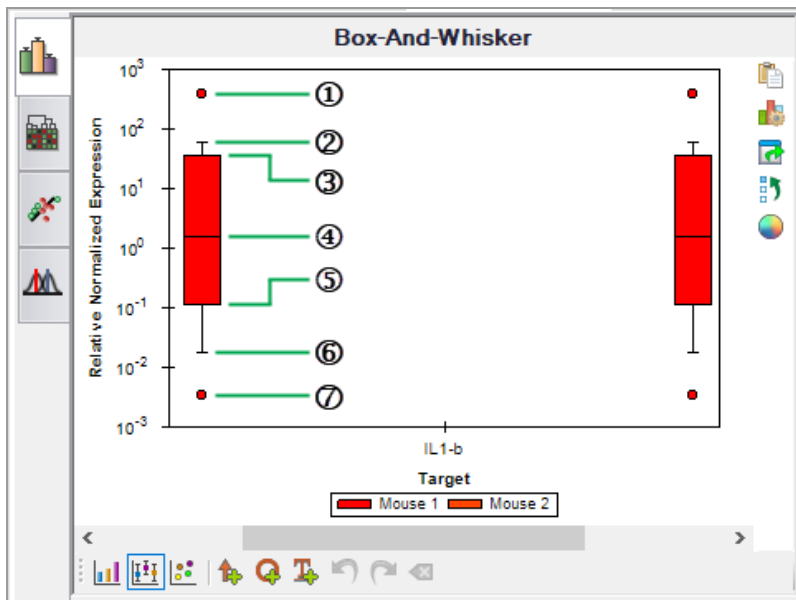
## Obliczenia dla wykresu pudełkowego z wąsami

Wykres pudełkowy z wąsami przedstawia rozkład wartości ekspresji w grupie biologicznej, ponieważ dane na tym wykresie są prezentowane jako kwartyle. Kwartyli 1 i 3 są reprezentowane odpowiednio przez dolne i górne ograniczenia pudełka. Mediana jest wyświetlana jako linia ciągła przebiegająca przez

pudełko. Wąsy reprezentują minimalne i maksymalne wartości, które w zestawie danych nie są wartościami odstającymi. Wartości odstające to takie, które przekraczają 1 i 3 kwartyli o wielokrotność 1,5 raza zakres międzykwartyłowy.

**Uwaga:** Jeśli w grupie biologicznej istnieje tylko jedna próbka, jest ona pokazana jako pojedynczy okrąg, co oznacza pojedynczy punkt danych.

Poniższy wykres pudełkowy z wąsami demonstruje sposób prezentowania takich danych.



#### LEGENDA

1. Wartość odstająca Ta wartość odstająca  $> Q3 + (1,5 \times [Q3 - Q1])$ .  
**Uwaga:** Umieścić kursor nad okręgiem, aby wyświetlić podpowiedź zawierającą nazwę próbki i ilość względną lub ekspresję znormalizowaną — w zależności od tego, jaki model jest wybrany.

---

2. Wyznaczenie maksymalnej wartości, która nie jest wartością odstającą.

---

3. Kwartył górny/3 (Q3). 75% wartości ekspresji jest poniżej Q3.

---

4. Mediana lub najbardziej środkowa wartość — wartości ekspresji uporządkowanych według rankingu.

---

5. Kwartył dolny/1 (Q1). 25% wartości ekspresji jest poniżej Q1.

6. Wyznaczenie minimalnej wartości, która nie jest wartością odstającą.
  7. Wartość odstająca  $Ta$  wartość odstająca  $< Q1 - (1,5 \times [Q3 - Q1])$ .
-



Załącznik A Obliczenia w analizie danych

## Załącznik B Ścieżki audytu

Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security tworzy ścieżki audytu dla plików danych i badań genów (odpowiednio pliki .prcd i .mgxd). Wszelkie zmiany lub działania wykonane na zabezpieczonych danych i plikach badań genów są rejestrowane w ścieżce audytu pliku, gdy plik jest zapisywany. CFX Maestro Dx SE tworzy oddzielną ścieżkę audytu dla każdego pliku.

Można wybrać File (Plik) > Save as (Zapisz jako) i zapisać zabezpieczone podpisane lub niepodpisane dane i pliki badań genów w innym folderze lub pod inną nazwą. Nowy plik dziedziczy ścieżkę audytu z oryginalnego pliku. Ścieżka audytu dla nowego pliku obejmuje również działanie Save As (Zapisz jako). Zmiany lub działania wykonane na nowym pliku są rejestrowane we własnej ścieżce audytu. Oryginalny plik zachowuje swoją ścieżkę audytu, w której rejestrowane są dalsze działania.

[Zdarzenia podlegające audytowi na stronie 331](#) zawiera listę zdarzeń podlegających audytowi, które przechwytyje oprogramowanie.

## Wyświetlanie ścieżek audytu

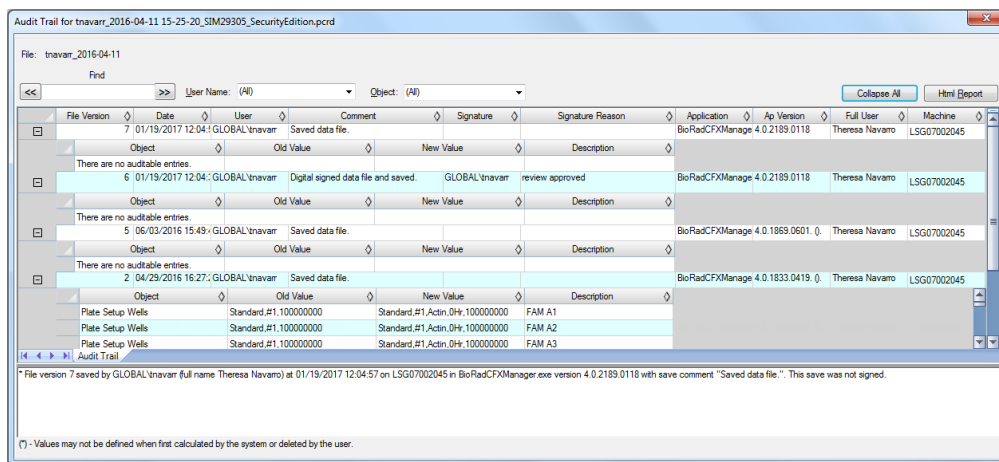
Każda ścieżka audytu zawiera poniższe informacje:

- Szczegóły nagłówka audytu
  - File version (Wersja pliku) – zapisana wersja pliku.
  - Date (Data) – data bieżącego zdarzenia podlegającego audytowi.
  - User (Użytkownik) - domena Windows i nazwa zalogowanego użytkownika.
  - Comment (Komentarz) - ostatni zapisany komentarz.
  - Signature (Podpis) - podpis elektroniczny ostatniej osoby, która podpisała plik.
  - Signature reason (Powód podpisu) – powód podpisu.
  - Application (Aplikacja) – CFX Maestro Dx SE.
  - Application version (Wersja aplikacji) – aktualna wersja CFX Maestro Dx SE.
  - Full user (Imię i nazwisko użytkownika) – imię i nazwisko zalogowanego użytkownika.
  - Machine (Maszyna) – komputer, na którym jest zainstalowany system CFX Maestro Dx SE
- Szczegóły zmian audytu

- ❑ Object (Obiekt) – pozycja, która została zmieniona (pozycja podlegająca audytowi).
- ❑ Old value (Stara wartość) – poprzednia wartość.
- ❑ New value (Nowa wartość) – nowa wartość.
- ❑ Description (Opis) – opis zmiany.

### Aby wyświetlić ścieżkę audytu

- ▶ W otwartym pliku danych lub badania genów, należy wybrać polecenie View (Widok) > Audit Trail (Ścieżka audytu). Pojawi się ścieżka audytu pliku.



Domyślnie dane są sortowane według daty i godziny, a wszystkie zdarzenia są wyświetlane w rozwinętym widoku. Można filtrować widok według nazwy użytkownika i obiektu oraz związać rozwinęty widok, aby łatwo sortować według dowolnego pola nagłówka. Można również wyświetlić ścieżkę audytu jako raport html.

### Aby posortować według nazwy użytkownika

- ▶ Wybrać docelowego użytkownika z listy rozwijanej User Name (Nazwa użytkownika).

### Aby posortować według obiektu

- ▶ Wybrać docelowy obiekt z listy rozwijanej Object (Obiekt).

### Aby ukryć pełne opisy zdarzeń

- ▶ Kliknąć Collapse All (Zwiń wszystko).

**Aby posortować dane w tabeli szczegółów zmian**

- ▶ Kliknąć symbol rombu w nagłówku kolumny danych, aby przeprowadzić sortowanie rosnąco (od A do Z, od najmniejszej do największej lub od najstarszej do najnowszej).

**Aby wydrukować ścieżkę audytu**

1. Kliknąć HTML Report (Raport HTML), aby wyświetlić ścieżkę audytu w przeglądarce internetowej.
2. W oknie przeglądarki wykonać jedną z poniższych czynności:
  - Wybrać polecenie File (Plik) > Print (Drukuj).
  - Kliknąć na raport prawym przyciskiem myszy i wybrać opcję Print (Drukuj).

## Zdarzenia podlegające audytowi

CFX Maestro Dx SE przechwytuje następujące zdarzenia podlegające audytowi w plikach danych i badań genów.

**Zdarzenia podlegające audytowi podczas analizy**

- Godzina rozpoczęcia analizy
- Edycje płytki podczas analizy
- Edycje protokołu podczas analizy
- Godzina zakończenia analizy

**Zdarzenia podlegające audytowi podczas tworzenia pliku danych**

- Utworzono plik danych
- Interpolowane odczyty płytki dodane przez system

**Zdarzenia podlegające audytowi, gdy plik danych jest zapisywany**

- Ogólne
  - Name (Nazwa)
  - Signing (Podpisywanie)
  - Plate Setup (Konfiguracja płytki)
  - Display Wells (Wyświetl studzienki)
  - Analyzed fluorophores (Analizowane fluorofory)
  - Plate edits (Edycje płytek)

- Analysis mode (Tryb analizy)
- PCR Active Well Group (Aktywna grupa studzienek PCR)
- Zakładka Quantification (Oznaczenie ilościowe)
  - Aktywny krok
  - Settings (Ustawienia) — C<sub>q</sub> Determination mode (Tryb oznaczania C<sub>q</sub>)
  - Settings (Ustawienia) — Baseline Setting (Ustawienie wartości bazowej)
  - Drift correction applied (Zastosowano korektę dryfu)
  - Settings (Ustawienia) — Cycles to Analyze (Cykle do przeanalizowania)
  - Settings (Ustawienia) — Analysis Mode (Tryb analizy)
  - Settings (Ustawienia) — Baseline Threshold (Próg bazowy)
- Zakładka Melt Curve (Krzywa topnienia)
  - Aktywny krok
  - Wyświetlany typ wartości szczytowej
  - Próg analizy wartości szczytowej
- Zakładka End Point (Punkt końcowy)
  - Aktywny fluorofor/sekwencja docelowa
  - Cykle końcowe do średniej
  - Metoda obliczania tolerancji
  - Procent zakresu
- Zakładka Allelic Discrimination (Dyskryminacja alleliczna)
  - Fluorofor osi X i Y.
  - Wybierz numer cyklu
  - Zobacz mapę wskazań
- Zakładka Gene Expression (Ekspresja genu) - All plots (Wszystkie wykresy)
  - Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) - Target reference (Odniesienie docelowe)
  - Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) - Sample control (Kontrola próbki)
  - Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) - Auto Efficiency (Automatyczna wydajność)

- Experiment Settings (Ustawienia eksperymentu) - Efficiency (Wydajność)
- Zakładka Gene Expression (Ekspresja genu) - Graphing (Tworzenie wykresów)
  - Analysis mode (Tryb analizy)
  - Graph data (Dane wykresu)
  - X-axis (Oś X)
  - Y-axis (Oś Y)
  - Scaling option (Opcje skalowania)
  - Error bar (Pasek błędów)
  - Error bar multiplier (Mnożnik słupka błędu)
  - P-value threshold (Próg wartości P)
- Zakładka Gene Expression (Ekspresja genu) - Clustergram
  - Cluster By (Łączenie w klastry wg)
  - Podziel replikacje
- Zakładka Gene Expression (Ekspresja genu) - Scatter Plot (Wykres rozrzutu)
  - Control biological group (Kontrolna grupa biologiczna)
  - Experimental biological group (Eksperymentalna grupa biologiczna)
  - Fold change threshold (Próg krotności zmiany ekspresji)
- Zakładka Gene Expression (Ekspresja genu) - ANOVA
  - P-value threshold (Próg wartości P)
- Plate Setup (Konfiguracja płytki) - View/Edit Plate (Wyświetl / edytuj płytkę)
  - Settings (Ustawienia) - PlateType (Typ płytki)
  - Settings (Ustawienia) - Units (Jednostki)
  - Editing Tools (Narzędzia do edycji) — Flip Plate (Odwróć płytkę)
  - Well groups (Grupy studzienek)
  - Plate fluorophores (Fluorofory płytek)
- Plate Setup (Konfiguracja płytki) - Replace Plate and Apply PrimePCR File (Wymień płytkę i zastosuj plik PrimePCR)
  - Plate Setup Import (Importuj konfigurację płytki)

## Zmiany w audycie dla plików badań genów

### Ogólne

- Name (Nazwa)
- Zakładka Study Setup (Konfiguracja badania)
  - Add/Remove data files (Dodaj/usuń pliki danych)
- Zakładka Study Analysis (Analiza badania)

## Załącznik C Integracja z systemem LIMS

Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security można skonfigurować do użytku z systemem zarządzania informacjami laboratoryjnymi (Laboratory Information Management System — LIMS). W celu zintegrowania się z systemem LIMS oprogramowanie CFX Maestro Dx SE wymaga informacji o konfiguracji płytki wygenerowanych przez platformę LIMS (tj. pliku LIMS, \*.plrn), pliku protokołu (\*.prcl) utworzonego przez oprogramowanie CFX Maestro Dx SE, zdefiniowanej lokalizacji eksportu danych oraz zdefiniowanego formatu eksportu.

Po zakończeniu analizy, CFX Maestro Dx SE generuje plik danych (.pcrd) i zapisuje go w określonej lokalizacji folderu eksportu danych. CFX Maestro Dx SE może również utworzyć plik danych zgodny z LIMS w formacie .csv i zapisać go w tej samej lokalizacji.

### Tworzenie plików danych kompatybilnych z LIMS

W tym załączniku objaśniono sposób konfigurowania CFX Maestro Dx SE w celu tworzenia, zapisywania i eksportowania plików danych kompatybilnych z LIMS.

#### Ustawianie folderu LIMS i opcji eksportu danych

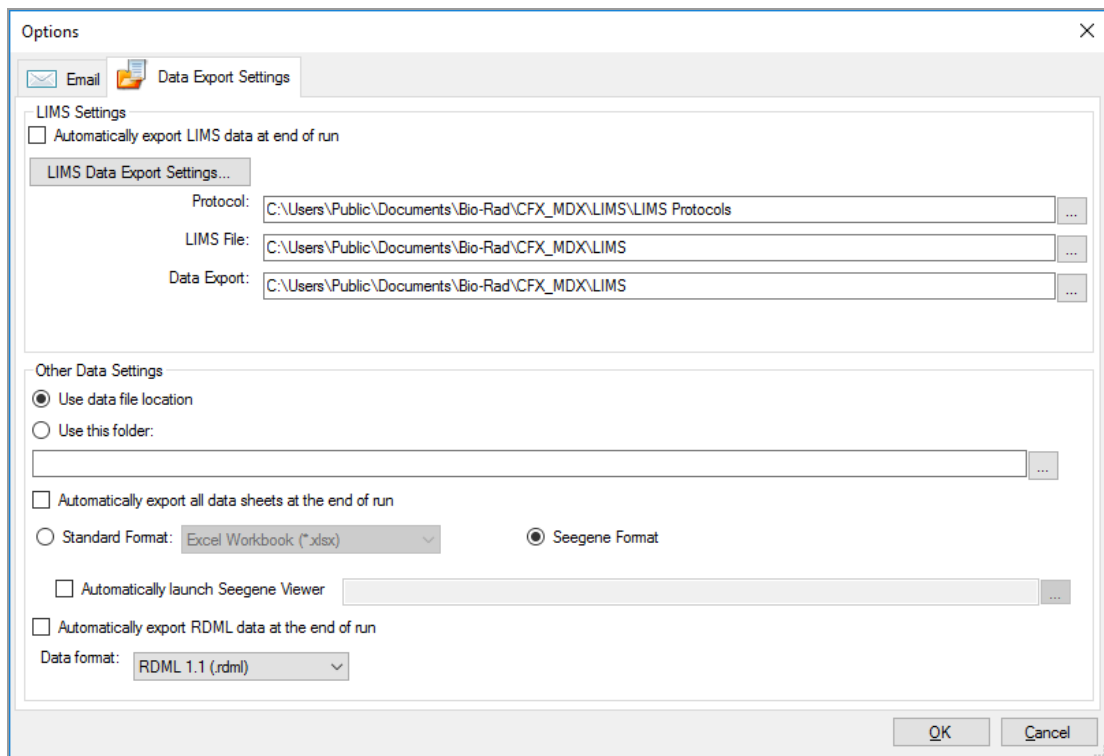
Domyślnie, CFX Maestro Dx SE zapisuje protokoły LIMS, pliki i pliki eksportu danych w tym folderze:  
C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_Dx\LIMS

Można skonfigurować CFX Maestro Dx SE do zapisywania plików w innym folderze oraz można zmienić opcje eksportu dotyczące danych LIMS.

#### Ustawienie folderu LIMS i opcji eksportu danych

1. W oknie Home (Strona główna) wybrać Tools (Narzędzia) > Options (Opcje).
2. W oknie dialogowym Options (Opcje) wybrać Data Export Settings (Ustawienia eksportu danych).





3. (Opcjonalnie) Zaznaczyć Automatically export LIMS data at end of run (Automatycznie eksportuj dane LIMS na koniec analizy próbek).

Oprogramowanie automatycznie wyeksportuje dane LIMS po każdej analizie próbek i zapisze je we wskazanej lokalizacji.

4. Aby zmienić domyślne opcje eksportu danych LIMS, kliknąć LIMS Data Export Settings (Ustawienia eksportu danych LIMS).

**Ważne:** Z powrotem do oprogramowania CFX Maestro Dx SE można zaimportować jedynie dane LIMS wyeksportowane jako plik .csv.

5. W oknie dialogowym LIMS Data Export Format Settings (Ustawienia formatu eksportu danych LIMS) wybrać wymagane opcje eksportu i kliknąć OK.
6. W oknie dialogowym Options (Opcje) przejść do domyślnego folderu, w którym mają być zapisywane pliki danych LIMS, i wybrać go. Można wybrać inną lokalizację dla każdego typu pliku:

- Protocol (Protokół)
- LIMS file (Plik LIMS),
- Data export (Eksport danych).

7. Kliknąć OK, aby zapisać zmiany i zamknąć okno dialogowe Options (Opcje).

## Tworzenie protokołu LIMS

Aby uruchomić analizę LIMS, utworzyć plik protokołu (\*.prcl) oprogramowania CFX Maestro Dx SE i zapisać go w folderze przeznaczonym na protokoły LIMS.

Więcej informacji zamieszczono w sekcji [Rozdział 7, Tworzenie protokołów](#).

## Tworzenie pliku systemu LIMS

Plik systemu LIMS (\*.plrn) zawiera szczegóły konfiguracji płytki oraz nazwę pliku protokołu. Ten plik jest generowany przez wewnętrzny system LIMS w placówce, w której działa system. Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE korzysta z tego pliku LIMS w celu utworzenia pliku płytki, który jest używany z plikiem protokołu.

Program CFX Maestro Dx SE udostępnia pliki szablonu importu płytki, które można edytować celem tworzenia niestandardowych plików płytek LIMS.

**Wskazówka:** To zadanie powinno być wykonywane przez specjalistę z zakresu systemu LIMS.

### Aby utworzyć plik LIMS

1. W oknie Home (Strona główna) wybrać opcje View (Widok) > Show (Pokaż) > LIMS File Folder (Folder plików LIMS).
2. Otworzyć folder LIMS Templates (Szablony LIMS) i wybrać plik .csv, który zostanie zaimportowany do wewnętrznego systemu LIMS w placówce, w której działa system.
3. Przeprowadzić edycję pliku szablonu, wypełniając wymagane pola, których listę zawiera [Tabela 38](#).
4. Wykonaj jedną z następujących czynności:
  - Aby zapisać zmiany do wykorzystania w przyszłości, należy zapisać plik jako plik .csv.
  - Aby zapisać zmiany i natychmiast użyć pliku, zapisz plik z rozszerzeniem .plrn.
  - Zapisać plik z rozszerzeniem nazwy .plrn w folderze LIMS File Folder (Folder plików LIMS).

**Ważne:** Oprogramowanie CFX Maestro Dx SE może otworzyć tylko ten plik .plrn. W celu uruchomienia analizy z użyciem systemu LIMS należy zapisać plik .csv jako plik .plrn.

Tabela 38. Definicja zawartości pliku .csv systemu LIMS

Kolumna	Wiersz	Opis	Zawartość	Przeznaczenie
A	1	Nagłówek płytki	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
A,B,C	2	Pole/dane/instrukcja	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
B	3	Wersja	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
B	4	Wielkość płytki	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
B	5	Typ płytki	Wprowadzić „BR White”, „BR Clear” lub inny skalibrowany typ płytki	Wymagane
B	6	Tryb skanowania	Wprowadzić „SYBR/FAM Only:”, „All Channels” lub „FRET”	Wymagane
B	7	Jednostki	Wprowadzić jedną z następujących wartości: „copy number”, „fold dilution”, „micromoles”, „nanomoles”, „picomoles”, „femtomoles”, „attomoles”, „milligrams”, „micrograms”, „nanograms”, „picograms”, „femtograms”, „attograms” lub „percent”	Wymagane

Tabela 38. Definicja zawartości pliku .csv systemu LIMS, ciąg dalszy

Kolumna	Wiersz	Opis	Zawartość	Przeznaczenie
B	8	Id. analizy	Wprowadzić krótki opis lub kod kreskowy identyfikujący analizę (maksymalnie 30 znaków, przecinki są niedozwolone)	Opcjonalne
B	9	Uwagi dotyczące analizy	Wprowadzić opis analizy	Opcjonalne
B	10	Protokół analizy	Wprowadzić nazwę pliku protokołu dokładnie tak, jak jest podana	Wymagane
A	11	Plik danych	Wprowadzić nazwę pliku danych	Opcjonalne
A	12-15	TBD/Puste	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
A	16	Dane płytki	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
A	17-113	Pozycja studzienki	Nie edytować	Wstępnie zdefiniowane
B-G		Barwnik dla kanału Ch1, barwnik dla kanału Ch2, barwnik dla kanału Ch3, barwnik dla kanału Ch4, barwnik dla kanału Ch5, FRET	Wprowadzić nazwę jednego skalibrowanego barwnika (na przykład „FAM”) dla każdego używanego kanału	Wymagane

Tabela 38. Definicja zawartości pliku .csv systemu LIMS, ciąg dalszy

Kolumna	Wiersz	Opis	Zawartość	Przeznaczenie
H		Typ próbki	Wprowadzić jeden z następujących typów próbek: „Unknown”, „Standard”, „Positive Control”, „Negative Control”, „NTC” lub „NRT”	Wymagane
I		Nazwa próbki	Wprowadzić nazwę próbki	Opcjonalne
J-O		Sekwencja docelowa dla CH1, sekwencja docelowa dla CH2, sekwencja docelowa dla CH3, sekwencja docelowa dla CH4, sekwencja docelowa dla CH5, sekwencja docelowa dla FRET	Wprowadzić nazwę sekwencji docelowej dla każdego używanego kanału	Opcjonalne
P		Nazwa kolekcji	Wprowadzić nazwę zestawu biologicznego	Opcjonalne
Q		Replikat	Wprowadzić dodatnią liczbę całkowitą dla każdego zestawu replikatów. Wartość nie może być równa zero.	Opcjonalne
R-W		Ilość dla CH1, ilość dla CH2, ilość dla CH3, ilość dla CH4, ilość dla CH5, ilość dla FRET	Wprowadzić wartości ilości dla dowolnych wzorców. Wprowadzić stężenie w postaci dziesiętnej.	Wymagane dla wszystkich wzorców

Tabela 38. Definicja zawartości pliku .csv systemu LIMS, ciąg dalszy

Kolumna	Wiersz	Opis	Zawartość	Przeznaczenie
X		Uwaga dotycząca studzienki	<p>Wprowadzić uwagę dotyczącą studzienki (maksymalnie 20 znaków)</p> <p><b>Uwaga:</b> Mimo że CFX Maestro Dx SE ma ograniczenie do 20 znaków przy wprowadzaniu uwag w Well Note (Uwaga dotycząca studzienki) za pośrednictwem oprogramowania, pole Well Note może zawierać do 500 znaków, jeśli jest zawarte w zaimportowanym pliku .pln. Jednakże, CFX Maestro Dx SE wyświetli tylko pierwszych 20 znaków. Wyeksportowany plik .pcrd będzie zawierał wszystkie znaki z pola Well Note (Uwaga dotycząca studzienki), żadne dane nie zostaną utracone.</p>	Opcjonalne

**Tabela 38. Definicja zawartości pliku .csv systemu LIMS, ciąg dalszy**

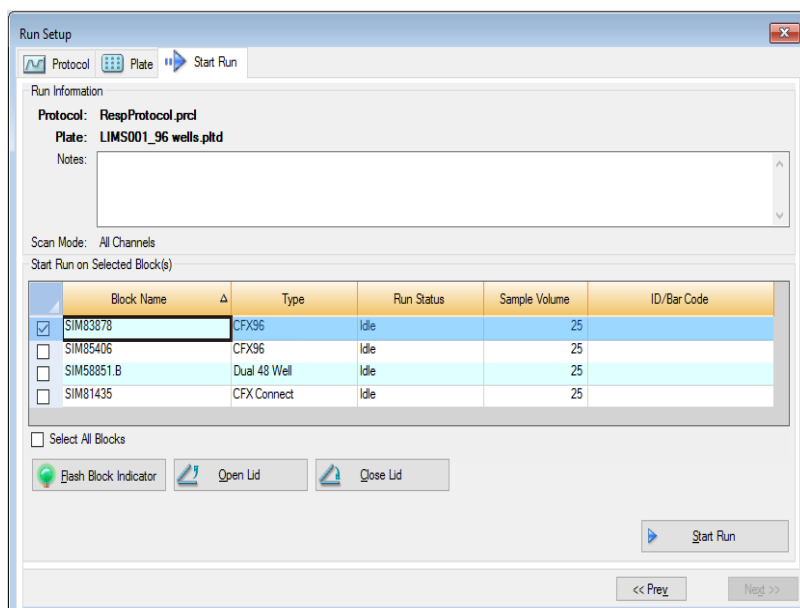
Kolumna	Wiersz	Opis	Zawartość	Przeznaczenie
Y-AD		Kolor studzienki dla Ch1, kolor studzienki dla Ch2, kolor studzienki dla Ch3, kolor studzienki dla Ch4, kolor studzienki dla Ch5, kolor studzienki dla FRET	Wprowadzić dowolny kolor stylu krzywej zdefiniowanej przez użytkownika w formacie dziesiętnym (argb) jako 32-bitowa liczba całkowita	Opcjonalne

## Uruchamianie analizy LIMS

### Uruchomienie analizy LIMS

- Wykonać jedną z następujących czynności w celu otwarcia pliku LIMS (.plrn):
  - W oknie Home (Strona główna) wybrać View (Widok) > Show (Pokaż) > LIMS File Folder (Folder plików LIMS) i otworzyć docelowy plik .plrn.
  - W oknie Home (Strona główna) wybrać File (Plik) > Open (Otwórz) > LIMS File (Plik LIMS) i otworzyć docelowy plik .plrn.

Plik jest otwierany w zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) w kreatorze Run Setup (Konfiguracja analizy próbek). W zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) wyświetlane są informacje o eksperymencie, który ma być uruchomiony. W zakładce tej wyświetlany jest także podłączony blok (lub bloki) aparatu, w którym można uruchomić dany eksperyment.
- W zakładce Start Run (Uruchom analizę próbek) wybrać aparat i kliknąć Start Run (Uruchom analizę próbek).



## Eksportowanie danych do systemu LIMS

Po zakończeniu analizy próbek, CFX Maestro Dx SE generuje plik danych (.pcrd) i zapisuje go w zdefiniowanej lokalizacji folderu eksportu danych.

### Eksport pliku danych do systemu LIMS

- ▶ Otworzyć plik .pcrd i wybrać Export (Eksport) > Export to LIMS Folder (Eksportuj do folderu LIMS).

**Wskazówka:** Jeśli w części LIMS Options (Opcje LIMS) wybrano opcję Automatically Export Data after Run (Automatycznie eksportuj dane po analizie próbek), CFX Maestro Dx SE tworzy plik danych w formacie .csv kompatybilny z systemem LIMS i zapisuje go w tym samym folderze.



## Załącznik C Integracja z systemem LIMS

## Załącznik D Rozwiązywanie problemów z produktem Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

Ten załącznik zawiera sugestie dotyczące rozwiązywania problemów, które mogą wystąpić podczas aktualizacji lub uruchamiania produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security.

### Umieszczanie plików i folderów produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security na białej liście

W celu ochrony przed wirusami i złośliwym oprogramowaniem dział IT mógł wdrożyć bardzo rygorystyczne zabezpieczenia oprogramowania. Te środki mogą mieć wpływ na czas potrzebny na aktualizację lub uruchomienie CFX Maestro Dx SE.

Aby poprawić wydajność CFX Maestro Dx SE, Bio-Rad zaleca, aby dział IT umieścił na białej liście następujących pliki i foldery w ustawieniach zapory sieciowej oprogramowania antywirusowego zainstalowanego na komputerze CFX Maestro Dx SE:

#### Foldery

- C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx
- C:\ProgramData\Bio-Rad\CFX\_MDx
- C:\Users\Public\Documents\Bio-Rad\CFX\_MDx

#### Pliki

- Wszystkie pliki .exe znajdujące się w folderze C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx
- R.exe i Rscript.exe (znajdujące się w folderze C:\Program Files (x86)\Bio-Rad\CFX\_MDx\R\R-3.3.1\bin)

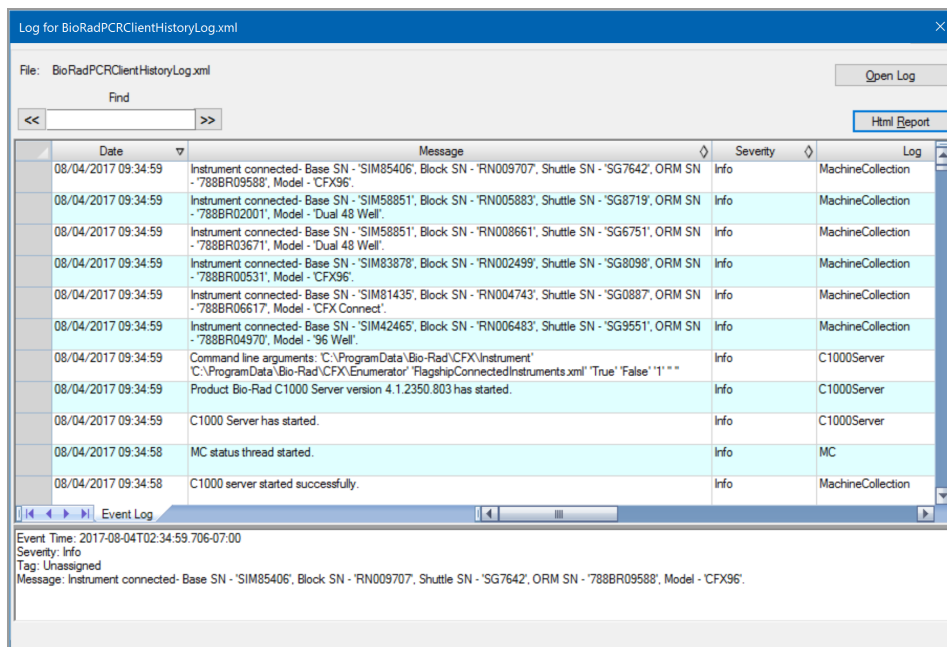
## Dziennik aplikacji

Przed rozpoczęciem nowego cyklu system CFX Opus Dx inicjuje autodiagnostyczny test w celu sprawdzenia, czy działa zgodnie ze specyfikacjami. Oprogramowanie rejestruje wyniki tego testu w pliku Run Log (Dziennik analiz próbek) oraz Application Log (Dziennik aplikacji). W razie stwierdzenia problemów w jednym lub większej liczbie eksperymentów, otworzyć dzienniki analiz próbek i aplikacji, aby stwierdzić, kiedy zaczął się problem.

CFX Maestro Dx SE Dx na bieżąco rejestruje informacje o stanie aparatu podczas analizy próbek w Application Log (Dziennik aplikacji). Te dzienniki pozwalają śledzić zdarzenia występujące w aparatach i w oprogramowaniu oraz pomagają rozwiązywać problemy.

### Otwarcie dziennika Application Log (Dziennik aplikacji)

- ▶ W oknie Home (Strona główna) wybrać View (Widok) > Application Log (Dziennik aplikacji).



Aby wyświetlić Dziennik Aplikacji jako plik HTML, kliknij przycisk HTML Report (Raport HTML).

## Pobieranie plików dziennika aplikacji i oprogramowania układowego

Dzienniki aplikacji i oprogramowania układowego zawierają informacje dotyczące czynności wykonywanych podczas korzystania z oprogramowania i wykonywania zadań. W dziennikach tych zapisywane są również wszelkie błędy oprogramowania lub oprogramowania układowego, które wystąpiły podczas działania oprogramowania lub aparatu.

### Aby uzyskać dostęp do plików dziennika aplikacji i oprogramowania układowego:

1. W panelu Detected Instruments (Wykryte Aparaty) kliknij prawym przyciskiem myszy na aparacie.
2. Wybierz opcję Retrieve Log Files (Pobierz pliki dziennika).
3. W oknie dialogowym Browse for Folder (Przeglądaj w poszukiwaniu folderu) wybierz folder docelowy w sieci lub na dysku lokalnym, w którym chcesz zapisać pliki dziennika.

**Uwaga:** Folder nazywa się „Logs”.

4. Kliknąć OK, aby zapisać pliki.

**Ważne:** Zapisanie pliku dziennika o tej samej nazwie, co istniejący plik dziennika, spowoduje nadpisanie istniejącego pliku dziennika.

## Rozwiązywanie problemów

Zwykle problemy z komunikacją między oprogramowaniem a aparatem można rozwiązać poprzez restart komputera i systemu. Przed restartem należy upewnić się, że wyniki prac zostały zapisane.

**Uwaga:** Należy upewnić się, że ilość pamięci RAM i miejsca na dysku twardym jest wystarczająca. Minimalna ilość pamięci RAM to 4 GB, a minimalna ilość miejsca na dysku twardym to 128 GB.

### Awaria zasilania

W przypadku awarii zasilania aparat i komputer wyłączą się. Jeśli awaria zasilania jest krótka, aparat powróci do uruchomionego protokołu, ale w Application Log (Dziennik aplikacji) zostanie odnotowana awaria zasilania. W zależności od ustawień komputera i czasu trwania przerwy w zasilaniu aparat i oprogramowanie próbują kontynuować pracę, przy czym zależy to od etapu protokołu:

- Jeśli protokół jest na etapie bez odczytu płytki, protokół jest kontynuowany, gdy tylko zostanie przywrócone zasilanie aparatu.
- Jeśli protokół jest na etapie z odczytem płytki, aparat czeka na ponowne uruchomienie oprogramowania i przywrócenie komunikacji w celu zebrania danych. W takiej sytuacji protokół jest

kontynuowany tylko wtedy, gdy oprogramowanie nie jest wyłączone przez komputer. Gdy komputer i oprogramowanie ponownie się uruchomią, protokół będzie kontynuowany.

## Przesyłanie plików do komputera CFX Maestro Dx SE

Można przysyłać dane i pliki dziennika znajdujące się w aparacie na dysk twardy podłączonego komputera CFX Maestro Dx SE.

**Wskazówka:** Wszystkie pliki w folderze danych czasu rzeczywistego w podstawie aparatu są przysyłane na komputer.

**Uwaga:** Z aparatów CFX Opus Dx można przysyłać tylko pliki dziennika. Wszystkie pliki dziennika z aparatu są przysyłane do komputera.

### Pobieranie plików z aparatu

1. W panelu Detected Instruments (Wykryte aparaty) w oknie Home (Strona główna) kliknąć prawym przyciskiem myszy docelowy aparat i wybrać Retrieve Log Files (Pobierz pliki dziennika).
2. Wybrać lokalizację folderu w celu zapisania pobranych plików.
3. Kliknąć OK.

## Ręczna instalacja produktu Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security

### Jak ręcznie zainstalować oprogramowanie CFX Maestro Dx SE

1. W razie konieczności odłączyć od komputera wszelkie podłączone aparaty.  
Zlokalizować i odłączyć kabel USB aparatu od komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE. Końcówka wprowadzona do aparatu może pozostać w gnieździe.
2. Zalogować się do komputera z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE z uprawnieniami administratora.
3. Włożyć pamięć USB z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE do gniazda USB w komputerze.
4. W Eksploratorze Windows przejść do pamięci USB z oprogramowaniem CFX Maestro Dx SE i otworzyć ją.
5. Otworzyć folder CFX i dwukrotnie kliknąć CFXMaestroDxSetup.exe, aby zainstalować oprogramowanie CFX Maestro Dx SE.
6. Postępować zgodnie z instrukcjami przedstawionymi na ekranie w celu zainstalowania oprogramowania.

Po zakończeniu na ekranie komputera wyświetlany jest ekran powitalny Bio-Rad Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security, a na pulpicie pojawia się ikona Bio-Rad Oprogramowanie CFX Maestro Dx, wersja Security.

7. bezpiecznie wysunąć pamięć USB z oprogramowaniem i uruchomić CFX Maestro Dx SE.

## Przeinstalowywanie sterowników

### Przeinstalowanie sterowników aparatu

- ▶ W oknie Home (Strona główna) wybrać Tools (Narzędzia) > Reinstall Instrument Drivers (Przeinstaluj sterowniki aparatu).

**Uwaga:** W razie problemów z oprogramowaniem komunikującym się z systemem czasu rzeczywistego po przeinstalowaniu sterowników i sprawdzeniu połączenia USB skontaktować się z działem wsparcia technicznego firmy Bio-Rad.



## Załącznik E Bio-Rad Free and Open-Source Notices for PCR Products

This document includes licensing information relating to free, open-source, and public-source software and data (together, the “MATERIALS”) included with or used to develop Bio-Rad products and services. The terms of the applicable free, open-source, and public-source licenses (each an “OPEN LICENSE”) govern Bio-Rad’s distribution and your use of the MATERIALS. Bio-Rad and the third-party authors, licensors, and distributors of the MATERIALS disclaim all warranties and liability arising from all use and distribution of the MATERIALS. To the extent the OSS is provided under an agreement with Bio-Rad that differs from the applicable OSS LICENSE, those terms are offered by Bio-Rad alone.

Bio-Rad has reproduced below copyright and other licensing notices appearing within the MATERIALS. While Bio-Rad seeks to provide complete and accurate copyright and licensing information for all MATERIALS, Bio-Rad does not represent or warrant that the following information is complete, correct, or error-free. MATERIALS recipients are encouraged to (a) investigate the identified MATERIALS to confirm the accuracy of the licensing information provided and (b) notify Bio-Rad of any inaccuracies or errors found in this document so that Bio-Rad may update this document accordingly.

Certain OPEN LICENSES (such as the Affero General Public Licenses, Common Development and Distribution Licenses, Common Public License, Creative Commons Share-Alike License, Eclipse Public License, Mozilla Public Licenses, GNU General Public Licenses, GNU Library/Lesser General Public Licenses, and Open Data Commons Open Database License) require that the source materials be made available to recipients or other requestors under the terms of the same OPEN LICENSE.

The corresponding open source software is available for download from the links in the section that follows.



## Software Notices

### ZedGraph

Project homepage/download site:

<https://sourceforge.net/projects/zedgraph/>

Bio-Rad source code site:

<https://github.com/bio-rad-lsg-open-source/ZedGraph-5.0.1>

External source code site:

<https://github.com/ZedGraph/ZedGraph>

Project licensing notices:

/LICENSE-LGPL.txt:

See **LGPL-2.1** in the **Standard OSS License Text** appendix to this document.

/sources/ZedGraph/LICENSE-LGPL.txt:

See **LGPL-2.1** in the **Standard OSS License Text** appendix to this document.

## Standard Open License Text

### LGPL-2.1

GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE

Version 2.1, February 1999

Copyright (C) 1991, 1999 Free Software Foundation, Inc. 59 Temple Place, Suite 330, Boston, MA 02111-1307 USA Everyone is permitted to copy and distribute verbatim copies of this license document, but changing it is not allowed.

[This is the first released version of the Lesser GPL. It also counts as the successor of the GNU Library Public License, version 2, hence the version number 2.1.]

## Preamble

The licenses for most software are designed to take away your freedom to share and change it. By contrast, the GNU General Public Licenses are intended to guarantee your freedom to share and change free software--to make sure the software is free for all its users.

This license, the Lesser General Public License, applies to some specially designated software packages--typically libraries--of the Free Software Foundation and other authors who decide to use it. You can use it too, but we suggest you first think carefully about whether this license or the ordinary General Public License is the better strategy to use in any particular case, based on the explanations below.

When we speak of free software, we are referring to freedom of use, not price. Our General Public Licenses are designed to make sure that you have the freedom to distribute copies of free software (and charge for this service if you wish); that you receive source code or can get it if you want it; that you can change the software and use pieces of it in new free programs; and that you are informed that you can do these things.

To protect your rights, we need to make restrictions that forbid distributors to deny you these rights or to ask you to surrender these rights. These restrictions translate to certain responsibilities for you if you distribute copies of the library or if you modify it.

For example, if you distribute copies of the library, whether gratis or for a fee, you must give the recipients all the rights that we gave you. You must make sure that they, too, receive or can get the source code. If you link other code with the library, you must provide complete object files to the recipients, so that they can relink them with the library after making changes to the library and recompiling it. And you must show them these terms so they know their rights.

We protect your rights with a two-step method: (1) we copyright the library, and (2) we offer you this license, which gives you legal permission to copy, distribute and/or modify the library.

To protect each distributor, we want to make it very clear that there is no warranty for the free library. Also, if the library is modified by someone else and passed on, the recipients should know that what they have is not the original version, so that the original author's

reputation will not be affected by problems that might be introduced by others.

Finally, software patents pose a constant threat to the existence of any free program. We wish to make sure that a company cannot effectively restrict the users of a free program by obtaining a restrictive license from a patent holder. Therefore, we insist that any patent license obtained for a version of the library must be consistent with the full freedom of use specified in this license.

Most GNU software, including some libraries, is covered by the ordinary GNU General Public License. This license, the GNU Lesser General Public License, applies to certain designated libraries, and is quite different from the ordinary General Public License. We use this license for certain libraries in order to permit linking those libraries into non-free programs.

When a program is linked with a library, whether statically or using a shared library, the combination of the two is legally speaking a combined work, a derivative of the original library. The ordinary General Public License therefore permits such linking only if the entire combination fits its criteria of freedom. The Lesser General Public License permits more lax criteria for linking other code with the library.

We call this license the "Lesser" General Public License because it does Less to protect the user's freedom than the ordinary General Public License. It also provides other free software developers Less of an advantage over competing non-free programs. These disadvantages are the reason we use the ordinary General Public License for many libraries. However, the Lesser license provides advantages in certain special circumstances.

For example, on rare occasions, there may be a special need to encourage the widest possible use of a certain library, so that it becomes a de-facto standard. To achieve this, non-free programs must be allowed to use the library. A more frequent case is that a free library does the same job as widely used non-free libraries. In this case, there is little to gain by limiting the free library to free software only, so we use the Lesser General Public License.

In other cases, permission to use a particular library in non-free programs enables a greater number of people to use a large body of free software. For example, permission to use the GNU C Library in non-free programs enables many more people to use the whole GNU

operating system, as well as its variant, the GNU/Linux operating system.

Although the Lesser General Public License is Less protective of the users' freedom, it does ensure that the user of a program that is linked with the Library has the freedom and the wherewithal to run that program using a modified version of the Library.

The precise terms and conditions for copying, distribution and modification follow. Pay close attention to the difference between a "work based on the library" and a "work that uses the library". The former contains code derived from the library, whereas the latter must be combined with the library in order to run.

#### GNU LESSER GENERAL PUBLIC LICENSE

#### TERMS AND CONDITIONS FOR COPYING, DISTRIBUTION AND MODIFICATION

0. This License Agreement applies to any software library or other program which contains a notice placed by the copyright holder or other authorized party saying it may be distributed under the terms of this Lesser General Public License (also called "this License"). Each licensee is addressed as "you".

A "library" means a collection of software functions and/or data prepared so as to be conveniently linked with application programs (which use some of those functions and data) to form executables.

The "Library", below, refers to any such software library or work which has been distributed under these terms. A "work based on the Library" means either the Library or any derivative work under copyright law: that is to say, a work containing the Library or a portion of it, either verbatim or with modifications and/or translated straightforwardly into another language. (Hereinafter, translation is included without limitation in the term "modification".)

"Source code" for a work means the preferred form of the work for making modifications to it. For a library, complete source code means all the source code for all modules it contains, plus any associated interface definition files, plus the scripts used to control compilation and installation of the library.

Activities other than copying, distribution and modification are not covered by this License; they are outside its scope. The act of running a program using the Library is not restricted, and output

from such a program is covered only if its contents constitute a work based on the Library (independent of the use of the Library in a tool for writing it). Whether that is true depends on what the Library does and what the program that uses the Library does.

1. You may copy and distribute verbatim copies of the Library's complete source code as you receive it, in any medium, provided that you conspicuously and appropriately publish on each copy an appropriate copyright notice and disclaimer of warranty; keep intact all the notices that refer to this License and to the absence of any warranty; and distribute a copy of this License along with the Library. You may charge a fee for the physical act of transferring a copy, and you may at your option offer warranty protection in exchange for a fee.

2. You may modify your copy or copies of the Library or any portion of it, thus forming a work based on the Library, and copy and distribute such modifications or work under the terms of Section 1 above, provided that you also meet all of these conditions:

a) The modified work must itself be a software library.

b) You must cause the files modified to carry prominent notices stating that you changed the files and the date of any change.

c) You must cause the whole of the work to be licensed at no charge to all third parties under the terms of this License.

d) If a facility in the modified Library refers to a function or a table of data to be supplied by an application program that uses the facility, other than as an argument passed when the facility is invoked, then you must make a good faith effort to ensure that, in the event an application does not supply such function or table, the facility still operates, and performs whatever part of its purpose remains meaningful. (For example, a function in a library to compute square roots has a purpose that is entirely well-defined independent of the application. Therefore, Subsection 2d requires that any application-supplied function or table used by this function must be optional: if the application does not supply it, the squareroot function must still compute square roots.)

These requirements apply to the modified work as a whole. If identifiable sections of that work are not derived from the Library, and can be reasonably considered independent and separate works in themselves, then this License, and its terms, do not apply to those sections when you distribute them as separate works. But when you

distribute the same sections as part of a whole which is a work based on the Library, the distribution of the whole must be on the terms of this License, whose permissions for other licensees extend to the entire whole, and thus to each and every part regardless of who wrote it.

Thus, it is not the intent of this section to claim rights or contest your rights to work written entirely by you; rather, the intent is to exercise the right to control the distribution of derivative or collective works based on the Library.

In addition, mere aggregation of another work not based on the Library with the Library (or with a work based on the Library) on a volume of a storage or distribution medium does not bring the other work under the scope of this License.

3. You may opt to apply the terms of the ordinary GNU General Public License instead of this License to a given copy of the Library. To do this, you must alter all the notices that refer to this License, so that they refer to the ordinary GNU General Public License, version 2, instead of to this License. (If a newer version than version 2 of the ordinary GNU General Public License has appeared, then you can specify that version instead if you wish.) Do not make any other change in these notices. Once this change is made in a given copy, it is irreversible for that copy, so the ordinary GNU General Public License applies to all subsequent copies and derivative works made from that copy. This option is useful when you wish to copy part of the code of the Library into a program that is not a library.

4. You may copy and distribute the Library (or a portion or derivative of it, under Section 2) in object code or executable form under the terms of Sections 1 and 2 above provided that you accompany it with the complete corresponding machine-readable source code, which must be distributed under the terms of Sections 1 and 2 above on a medium customarily used for software interchange. If distribution of object code is made by offering access to copy from a designated place, then offering equivalent access to copy the source code from the same place satisfies the requirement to distribute the source code, even though third parties are not compelled to copy the source along with the object code.

5. A program that contains no derivative of any portion of the Library, but is designed to work with the Library by being compiled or linked with it, is called a "work that uses the Library". Such a work, in isolation, is not a derivative work of the Library, and

therefore falls outside the scope of this License. However, linking a "work that uses the Library" with the Library creates an executable that is a derivative of the Library (because it contains portions of the Library), rather than a "work that uses the library". The executable is therefore covered by this License. Section 6 states terms for distribution of such executables. When a "work that uses the Library" uses material from a header file that is part of the Library, the object code for the work may be a derivative work of the Library even though the source code is not. Whether this is true is especially significant if the work can be linked without the Library, or if the work is itself a library. The threshold for this to be true is not precisely defined by law. If such an object file uses only numerical parameters, data structure layouts and accessors, and small macros and small inline functions (ten lines or less in length), then the use of the object file is unrestricted, regardless of whether it is legally a derivative work. (Executables containing this object code plus portions of the Library will still fall under Section 6.) Otherwise, if the work is a derivative of the Library, you may distribute the object code for the work under the terms of Section 6. Any executables containing that work also fall under Section 6, whether or not they are linked directly with the Library itself.

6. As an exception to the Sections above, you may also combine or link a "work that uses the Library" with the Library to produce a work containing portions of the Library, and distribute that work under terms of your choice, provided that the terms permit modification of the work for the customer's own use and reverse engineering for debugging such modifications. You must give prominent notice with each copy of the work that the Library is used in it and that the Library and its use are covered by this License. You must supply a copy of this License. If the work during execution displays copyright notices, you must include the copyright notice for the Library among them, as well as a reference directing the user to the copy of this License. Also, you must do one of these things:

a) Accompany the work with the complete corresponding machine-readable source code for the Library including whatever changes were used in the work (which must be distributed under Sections 1 and 2 above); and, if the work is an executable linked with the Library, with the complete machine-readable "work that uses the Library", as object code and/or source code, so that the user can modify the Library and then relink to produce a modified executable containing the modified Library. (It is understood that the user who changes the

contents of definitions files in the Library will not necessarily be able to recompile the application to use the modified definitions.)

b) Use a suitable shared library mechanism for linking with the Library. A suitable mechanism is one that (1) uses at run time a copy of the library already present on the user's computer system, rather than copying library functions into the executable, and (2) will operate properly with a modified version of the library, if the user installs one, as long as the modified version is interface-compatible with the version that the work was made with.

c) Accompany the work with a written offer, valid for at least three years, to give the same user the materials specified in Subsection 6a, above, for a charge no more than the cost of performing this distribution.

d) If distribution of the work is made by offering access to copy from a designated place, offer equivalent access to copy the above specified materials from the same place.

e) Verify that the user has already received a copy of these materials or that you have already sent this user a copy.

For an executable, the required form of the "work that uses the Library" must include any data and utility programs needed for reproducing the executable from it. However, as a special exception, the materials to be distributed need not include anything that is normally distributed (in either source or binary form) with the major components (compiler, kernel, and so on) of the operating system on which the executable runs, unless that component itself accompanies the executable.

It may happen that this requirement contradicts the license restrictions of other proprietary libraries that do not normally accompany the operating system. Such a contradiction means you cannot use both them and the Library together in an executable that you distribute.

7. You may place library facilities that are a work based on the Library side-by-side in a single library together with other library facilities not covered by this License, and distribute such a combined library, provided that the separate distribution of the work based on the Library and of the other library facilities is otherwise permitted, and provided that you do these two things:



a) Accompany the combined library with a copy of the same work based on the Library, uncombined with any other library facilities. This must be distributed under the terms of the Sections above.

b) Give prominent notice with the combined library of the fact that part of it is a work based on the Library, and explaining where to find the accompanying uncombined form of the same work.

8. You may not copy, modify, sublicense, link with, or distribute the Library except as expressly provided under this License. Any attempt otherwise to copy, modify, sublicense, link with, or distribute the Library is void, and will automatically terminate your rights under this License. However, parties who have received copies, or rights, from you under this License will not have their licenses terminated so long as such parties remain in full compliance.

9. You are not required to accept this License, since you have not signed it. However, nothing else grants you permission to modify or distribute the Library or its derivative works. These actions are

prohibited by law if you do not accept this License. Therefore, by modifying or distributing the Library (or any work based on the Library), you indicate your acceptance of this License to do so, and all its terms and conditions for copying, distributing or modifying the Library or works based on it.

10. Each time you redistribute the Library (or any work based on the Library), the recipient automatically receives a license from the original licensor to copy, distribute, link with or modify the Library subject to these terms and conditions. You may not impose any further restrictions on the recipients' exercise of the rights granted herein. You are not responsible for enforcing compliance by third parties with this License.

11. If, as a consequence of a court judgment or allegation of patent infringement or for any other reason (not limited to patent issues), conditions are imposed on you (whether by court order, agreement or otherwise) that contradict the conditions of this License, they do not excuse you from the conditions of this License. If you cannot distribute so as to satisfy simultaneously your obligations under this License and any other pertinent obligations, then as a consequence you may not distribute the Library at all. For example, if a patent license would not permit royalty-free redistribution of the Library by all those who receive copies directly or indirectly through you, then the only way you could satisfy both it and this

License would be to refrain entirely from distribution of the Library.

If any portion of this section is held invalid or unenforceable under any particular circumstance, the balance of the section is intended to apply, and the section as a whole is intended to apply in other circumstances.

It is not the purpose of this section to induce you to infringe any patents or other property right claims or to contest validity of any such claims; this section has the sole purpose of protecting the integrity of the free software distribution system which is implemented by public license practices. Many people have made generous contributions to the wide range of software distributed through that system in reliance on consistent application of that system; it is up to the author/donor to decide if he or she is willing to distribute software through any other system and a licensee cannot impose that choice. This section is intended to make thoroughly clear what is believed to be a consequence of the rest of this License.

12. If the distribution and/or use of the Library is restricted in certain countries either by patents or by copyrighted interfaces, the original copyright holder who places the Library under this License may add an explicit geographical distribution limitation excluding those countries, so that distribution is permitted only in or among countries not thus excluded. In such case, this License incorporates the limitation as if written in the body of this License.

13. The Free Software Foundation may publish revised and/or new versions of the Lesser General Public License from time to time. Such new versions will be similar in spirit to the present version, but may differ in detail to address new problems or concerns.

Each version is given a distinguishing version number. If the Library specifies a version number of this License which applies to it and "any later version", you have the option of following the terms and conditions either of that version or of any later version published by the Free Software Foundation. If the Library does not specify a license version number, you may choose any version ever published by the Free Software Foundation.

14. If you wish to incorporate parts of the Library into other free programs whose distribution conditions are incompatible with these, write to the author to ask for permission. For software which is

copyrighted by the Free Software Foundation, write to the Free Software Foundation; we sometimes make exceptions for this. Our decision will be guided by the two goals of preserving the free status of all derivatives of our free software and of promoting the sharing and reuse of software generally.

NO WARRANTY

15. BECAUSE THE LIBRARY IS LICENSED FREE OF CHARGE, THERE IS NO WARRANTY FOR THE LIBRARY, TO THE EXTENT PERMITTED BY APPLICABLE LAW. EXCEPT WHEN OTHERWISE STATED IN WRITING THE COPYRIGHT HOLDERS AND/OR OTHER PARTIES PROVIDE THE LIBRARY "AS IS" WITHOUT WARRANTY OF ANY KIND, EITHER EXPRESSED OR IMPLIED, INCLUDING, BUT NOT LIMITED TO, THE IMPLIED WARRANTIES OF MERCHANTABILITY AND FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. THE ENTIRE RISK AS TO THE QUALITY AND PERFORMANCE OF THE LIBRARY IS WITH YOU. SHOULD THE LIBRARY PROVE DEFECTIVE, YOU ASSUME THE COST OF ALL NECESSARY SERVICING, REPAIR OR CORRECTION.

16. IN NO EVENT UNLESS REQUIRED BY APPLICABLE LAW OR AGREED TO IN WRITING WILL ANY COPYRIGHT HOLDER, OR ANY OTHER PARTY WHO MAY MODIFY AND/OR REDISTRIBUTE THE LIBRARY AS PERMITTED ABOVE, BE LIABLE TO YOU FOR DAMAGES, INCLUDING ANY GENERAL, SPECIAL, INCIDENTAL OR CONSEQUENTIAL DAMAGES ARISING OUT OF THE USE OR INABILITY TO USE THE LIBRARY (INCLUDING BUT NOT LIMITED TO LOSS OF DATA OR DATA BEING RENDERED INACCURATE OR LOSSES SUSTAINED BY YOU OR THIRD PARTIES OR A FAILURE OF THE LIBRARY TO OPERATE WITH ANY OTHER MATERIALS), EVEN IF SUCH HOLDER OR OTHER PARTY HAS BEEN ADVISED OF THE POSSIBILITY OF SUCH DAMAGES.

END OF TERMS AND CONDITIONS

How to Apply These Terms to Your New Libraries

If you develop a new library, and you want it to be of the greatest possible use to the public, we recommend making it free software that everyone can redistribute and change. You can do so by permitting redistribution under these terms (or, alternatively, under the terms of the ordinary General Public License).

To apply these terms, attach the following notices to the library. It is safest to attach them to the start of each source file to most effectively convey the exclusion of warranty; and each file should have at least the "copyright" line and a pointer to where the full notice is found.

<one line to give the library's name and a brief idea of what it does.>

Copyright (C) <year> <name of author>

This library is free software; you can redistribute it and/or modify it under the terms of the GNU Lesser General Public License as published by the Free Software Foundation; either version 2.1 of the License, or (at your option) any later version. This library is distributed in the hope that it will be useful, but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the implied warranty of MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. See the GNU Lesser General Public License for more details.

You should have received a copy of the GNU Lesser General Public License along with this library; if not, write to the Free Software Foundation, Inc., 59 Temple Place, Suite 330, Boston, MA 02111-1307 USA

Also add information on how to contact you by electronic and paper mail. You should also get your employer (if you work as a programmer) or your school, if any, to sign a "copyright disclaimer" for the library, if necessary. Here is a sample; alter the names:

Yoyodyne, Inc., hereby disclaims all copyright interest in the library `Frob' (a library for tweaking knobs) written by James Random Hacker.

<signature of Ty Coon>, 1 April 1990

Ty Coon, President of Vice

That's all there is to it!



## Załącznik F Piśmiennictwo

1. Sugimoto i wsp. (1996). Improved thermodynamic parameters and helix initiation factor to predict stability of DNA duplexes. *Nucleic Acids Research* 24, 4501–4505.
2. Breslauer KJ i wsp. (1986). Predicting DNA duplex stability from the base sequence. *Proc Nat Acad Sci* 83, 3746–3750.
3. Hellemans J i wsp. (2007). qBase relative quantification framework and software for management and automated analysis of real-time quantitative PCR data. *Genome Biol* 8, R19.
4. Livak JL i wsp. (1995). Towards fully automated genome-wide polymorphism screening. *Nature Genetics* 9, 341–342.
5. Pfaffl MW (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic Acids Research* 29, 2002–2007.
6. Vandesompele J i wsp. (2002). Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. *Genome Biology* 3, 1–12.
7. Fox J (2008). *Applied Regression Analysis and Generalized Linear Models*. Wydanie drugie (Nowy Jork: SAGE Publications, Inc.).

### **Informacja o prawach autorskich Minpack (1999) University of Chicago. Wszelkie prawa zastrzeżone**

Redystrybucja i wykorzystanie w postaci źródłowej i binarnej, z modyfikacjami lub bez nich, są dozwolone pod warunkiem spełnienia następujących warunków:

1. Redystrybucje kodów źródłowych muszą zawierać powyższą informację o prawach autorskich, niniejszą listę warunków i poniższe wyłączenie odpowiedzialności.
2. Redystrybucje w postaci binarnej muszą zawierać powyższą informację o prawach autorskich, niniejszą listę warunków i poniższe wyłączenie odpowiedzialności w dokumentacji i/lub innych materiałach dostarczanych wraz z dystrybucją.
3. Dokumentacja użytkownika końcowego dołączona do redystrybucji, o ile istnieje, musi zawierać następujące stwierdzenie:

„Niniejszy produkt zawiera oprogramowanie opracowane przez University of Chicago jako operatora Argonne National Laboratory”.





Bio-Rad Laboratories, Inc.  
4000 Alfred Nobel Drive  
Hercules, CA 94547



Bio-Rad  
3, boulevard Raymond Poincaré  
92430 Marnes-la-Coquette, France  
Tel.: +33 (0)1 47 95 60 00  
Faks: +33 (0)1 47 41 91 33  
bio-rad.com



**Bio-Rad  
Laboratories, Inc.**

Life Science  
Group

**Website** bio-rad.com **USA** 1 800 424 6723 **Australia** 61 2 9914 2800 **Austria** 00 800 00 24 67 23 **Belgium** 00 800 00 24 67 23 **Brazil** 4003 0399  
**Canada** 1 905 364 3435 **China** 86 21 6169 8500 **Czech Republic** 00 800 00 24 67 23 **Denmark** 00 800 00 24 67 23 **Finland** 00 800 00 24 67 23  
**France** 00 800 00 24 67 23 **Germany** 00 800 00 24 67 23 **Hong Kong** 852 2789 3300 **Hungary** 00 800 00 24 67 23 **India** 91 124 4029300 **Israel** 0 3 9636050  
**Italy** 00 800 00 24 67 23 **Japan** 81 3 6361 7000 **Korea** 82 2 3473 4460 **Luxembourg** 00 800 00 24 67 23 **Mexico** 52 555 488 7670  
**The Netherlands** 00 800 00 24 67 23 **New Zealand** 64 9 415 2280 **Norway** 00 800 00 24 67 23 **Poland** 00 800 00 24 67 23 **Portugal** 00 800 00 24 67 23  
**Russian Federation** 00 800 00 24 67 23 **Singapore** 65 6415 3188 **South Africa** 00 800 00 24 67 23 **Spain** 00 800 00 24 67 23 **Sweden** 00 800 00 24 67 23  
**Switzerland** 00 800 00 24 67 23 **Taiwan** 886 2 2578 7189 **Thailand** 66 2 651 8311 **United Arab Emirates** 36 1 459 6150 **United Kingdom** 00 800 00 24 67 23

